

09/720564
PCT/JP99/03242

日本国特許庁 18.06.99
PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

E.A.S.U.

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application:

1998年 6月26日

REC'D 06 AUG 1999

WIPO PCT

出願番号
Application Number:

平成10年特許願第180008号

出願人
Applicant(s):

財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

PRIORITY
DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年 7月 8日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

伴佐山建



出証番号 出証特平11-3048186

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018157

【提出日】 平成10年 6月26日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質とそれをコードする
DNA

【請求項の数】 6

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50

 【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

 【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11

 【氏名】 山口 知子

【特許出願人】

 【代表出願人】

 【識別番号】 000173762

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

 【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

 【代表者】 近藤 聖

 【電話番号】 0427(42)4791

【特許出願人】

 【識別番号】 596134998

 【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号

 【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

 【代表者】 棚井 丈雄

 【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

 【予納台帳番号】 011501

 【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】	明細書	1
【物件名】	図面	1
【物件名】	要約書	1
【プルーフの要否】	要	

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質とそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号11から配列番号20で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【請求項5】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項6】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAを発現し、請求項1記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このcDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の

増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法では機能のわかった蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメインを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとし

て働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこの DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写によって RNA を調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベクターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺

乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ脾臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部

位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせて行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片（5アミノ酸残基以上）も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法〔特開平8-187100〕を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖

が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

本発明のcDNAは、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクローンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基

数をそれぞれ表 1 にまとめて示した。

【0017】

【表 1】

表 1

配列番号	HP 番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP00631	Sa o s-2	1085	238
2、12、22	HP02403	胃癌	1168	194
3、13、23	HP02420	胃癌	624	139
4、14、24	HP10349	胃癌	1121	323
5、15、25	HP10508	胃癌	827	231
6、16、26	HP10524	胃癌	1189	97
7、17、27	HP10529	Sa o s-2	1500	198
8、18、28	HP10537	Sa o s-2	806	140
9、19、29	HP10549	胃癌	1718	201
10、20、30	HP10551	胃癌	995	249

【0018】

なお、配列番号 11 から配列番号 30 のいずれかに記載の cDNA の塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製した cDNA ライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明の cDNA と同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号 11 から配列番号 30 において、1 又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされている cDNA も本発明の範疇にはいる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリー(WO97/33993)、手術によって摘出された胃癌組織cDNAライブラリー(WO97/15596)を用いた。個々のライブラリーから完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクローンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle

, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)]
により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。
コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思わ
れる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T_NTウサギ網状赤
血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。こ
の際 [³⁵S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした
。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2
μgを、T_NTウサギ網状赤血球溶解物12.5μl、緩衝液（キットに付属）
0.5μl、アミノ酸混合液（Metを含まない）2μl、 [³⁵S] メチオニン
（アマーシャム社）2μl（0.37MBq/μl）、T7RNAポリメラーゼ
0.5μl、RNasin20Uを含む総量25μlの反応液中で30℃で90
分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ膵臓ミクロソ
ーム画分（プロメガ）2.5μlを添加して行なった。反応液3μlにSDSサン
プリングバッファー（125mMトリス塩酸緩衝液、pH6.8、120mM2
-メルカプトエタノール、2%SDS溶液、0.025%プロモフェノールブル
ー、20%グリセロール）2μlを加え、95℃3分間加熱処理した後、SDS
-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない
、翻訳産物の分子量を求めた。

【0025】

(3) COS7による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を100μg/mlアンピシリ
ン含有2xYT培地2ml中で37℃2時間培養した後、ヘルパーファージM1
3KO7（50μl）を添加し、37℃で一晩培養した。遠心によって分離した
上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これ
を100μlの1mMトリス-0.1mMEDTA、pH8（TE）に懸濁した
。

【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%CO₂存在下、37℃で培養した。1×10⁵個のCOS7細胞を6穴プレート (ヌンク社、穴の直径3cm) に植え、5%CO₂存在下、37℃で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50mMトリス塩酸 (pH7.5) を含むDMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1μl、DMEM 培地0.6ml、TRANSFECTAMTM (IBF社) 3μlを懸濁したものを添加し、5%CO₂存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2ml加え、5%CO₂存在下、37℃にて2日間培養した。培地を [³⁵S] システインあるいは [³⁵S] メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質をSDS-PAGEにかけた。

【0027】

(4) クローン例

<HP00631> (配列番号1、11、21)

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP00631のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、25bpの5' 非翻訳領域、717bpのORF、343bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは238アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、5箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0028】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ゴールデンハムスターアンドロゲン制御蛋白質FAR-17 (PIRアクセション番号A54313) と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とゴールデンハムスターアンドロゲン制御蛋白質FAR-17 (GH) のア

ミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、38.0%の相同性を有していた。

【0029】

【表2】

表 2

```

HP M-----ALVPCQVLRMAILLSYCSILCNYKAIEMPSHQTYGGSWKFLTFIDLVIQAVFFG
      *           *   * * * *   *   *           ** * * *   *   * * * *
GH MTRTTTCVYHFLVWNWYIFLNY-YIPLIGKDDEKLKEFHDGGRSKYLTLNLLLQAIFFG
HP ICVLTDLSSLLTRGSGNQEQERQLKKLI-SLRDWMLAVLAFPVGVFVAVFWIIYAYDRE
      * *   * * *   *   * * * *   * * *   *   * * *   * * *
GH VACLDD---VLKRIIG-----RKDIKFITSTRDLLFSTLVFPISTFIFLVFWTLFYIDRS
HP MIYPKLLDNFIPGWLNHGMHTTVLPFILIE MRTSHHQVPSRSSGLTAICTFSVGYILWVC
      * * * * *   * * * * *   * * * *   * * * *   * *   * *   *
GH LIYPKGLDDYFPAWLNHAMHTYILLFVLVETILRPHHYPSSKKLGLALLGACNLAYITRVL
HP WVHHVTGMWVYPFLEHIGPGARIIFFGSTTILMNFLYLLGEVLNNYIW-DTQKSMEEEEKE
      *   * * * * *   *   * * *   * *   * * *   *   * * *   *   * *
GH WRYSQTGNWVYPVFASLNPLGIIIFFLVCYILNASIYLVGEKINHWWKGATVK---PLMK
HP KPKLE
      * *
GH KKK--

```

【0030】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて Gen Bank を検索したところ、EST の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 R22829）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP02403> (配列番号2、12、22)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP02403のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、6bpの5'非翻訳領域、585bpのORF、577bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは194アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量21,959とほぼ同じ22kDaの翻訳産物が生成した。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ウズラアポトーシス制御因子NR-13 (SWISS-PROTアクセション番号Q90343)と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質 (HP)とウズラアポトーシス制御因子NR-13 (CC)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、31.5%の相同性を有していた。

【0033】

【表3】

表3

HP	MADPLRRETELLADYLGYCAREPGTPEPAPSTPEAAVLRSAARLRQIHRSFF--SAYL
	* * * * * * * * * * * * * * * * * *
CC	MPGSLKEETALLLEDYFQHRA---GGAALPPS-ATAAELRRAAAELERRERPFFRSCAPL
HP	GYPGNRFELVAL--MADSVLSDSPGPTWGRVVTLVTFAGTLLERGPLVTARWKKWGFQPR
	* * * * * * * * * * * * * * * * * *
CC	ARAEPR-EAAALLRKVAAQLETDGGLNWGRLLALVVFAGTL-----A
HP	LKEQEGDVARDQRLVALLSSRLMGQHRAWLQAQGGWDGFCHFF-RTPFPLAFWRKQLVQ
	* * * * * * * * * * * * * * * * * *

CC AALAESACEEGPSRLAAALTAYLAEEQGEWMEEHGGWDGFCRFFGRHGSQPADQNSTLSN

HP A-FLSCLLTAFIYLWTRLL

* *

CC AIMAAAGFGIAGLAFLLVVR

【0034】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA098865）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

<HP02420>（配列番号3、13、23）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP02420のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、35bpの5'非翻訳領域、420bpのORF、169bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは139アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、3箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量16,082とほぼ同じ17kDaの翻訳産物が生成した。

【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、酵母仮想蛋白質15.9kDa（SWISS-PROTアクセシオン番号P53173）と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質（HP）と酵母仮想蛋白質15.9kDa（SC）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、43.2%の相同性を有していた。

【0037】

【表4】

表4

HP MEAVVFVFSLLDCCALIFLSVYFIITLSDLECDYINARSCCSKLNKWWIPELIGHTIVTV
 , .*,..... * .*,*,* .*** .***. .***.*** .*** *
 SC MGAWLFILAVVVNCINLFGQVHFTILYADLEADYINPIELCSKVNKLITPEAALHGALSL
 HP LLLMSLHWFIFLLNLPVATWNIYRYIMVPSGNMGVFDPTIEHNRGQLKSHMKEAMIKLGF
 ,.. .**.****** . *.*,*** *. * .*,*..*****
 SC LFLNGYWVFLLNLPVLA---YNLNKI-YNKVQLLDATEIF-RT-LGKHKRESFLKLG
 HP HLLCFFMYLYSMILALIND
 *** **.***.***.***..
 SC HLLMFFFYLYRMIMALIAESGDDF

【0038】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA044799）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP10349>（配列番号4、14、24）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10349のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、16bpの5'非翻訳領域、972bpのORF、133bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは323アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量36,200とほぼ同じ36kDaの翻訳産物が生成した。

【0040】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号F13

066) が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0041】

<HP10508> (配列番号5、15、25)

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10508 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、33bp の 5' 非翻訳領域、696bp の ORF、98p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 231 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 5 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0042】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA484181）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP10524> (配列番号6、16、26)

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10524 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、308bp の 5' 非翻訳領域、294bp の ORF、587p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 97 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 6 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 10,673 より大きい 21kDa の翻訳産物が生成した。

【0044】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトグリコホリン C (SWISS-PROT アクセシオン番号 P04921) と類似性を有していた。表 5 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とヒトグリコホリン

C (GP) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、30.5%の相同性を有していた。

【0045】

【表5】

表5

```

HP M-----TSLLTTP---SPREELMTTPILQPT EALS-PEDG---AST-----A
      *           **  *  *           ** *  *      *   **   **

GP MWSTRSPNSTAWPLSLEPDPGMASASTTMHTTTIAEPDPGMSGWPDGRMETSTPTIMDIV
HP LIAVVITVVF LTLLSVVILIFFYLYKNKGSYVTYE---PTEGEPSAIVQMESD---LAKG
      ** **  *      *  *           *  *  ** *  *  *      **   **           *      *

GP VIAGVIAAVAIVLVSLLFVMLRYMYRHKGT YHTNEAKGTEFAESADAALQGD PALQDAGD
HP SEKEEYFI
      *      ****

GP SSRKEYFI

```

【0046】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R21992）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP10529>（配列番号7、17、27）

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10529のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、93bpの5' 非翻訳領域、597bpのORF、810bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは198アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittle

•

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、フグ仮想蛋白質2（GenBankアクセション番号AF026198）と類似性を有していた。表6に、本発明のヒト蛋白質（HP）とフグ仮想蛋白質2（FR）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、56.1％の相同性を有していた。

【表 6】

```

HP MATLWGGLRLGSLLSLCLAL-SVLLLAQLS-DAAKNFEDVRCKCICPPYKENS GHIYN
      .* *. ** ...**.... ..**.*.*****..... *****
FR      MPSDREGLWMLAAFALMTLFLLDNVGVTQAKSFDDVRCKCICPPYRNIS GHIYN
HP KNISQKDCDCLHVVEPMPVRGPDVEAYCLRCECKYEERSSVTIKVTII IYLSILGLLLLY
      .*..****.****.****.* ***** *****.. **.*****.**.* ****
FR RNFTQKDCNCLHVDPMPVPGNDVEAYCLLCECKYEERSTNTIRVTII IFLSVVGALLY
HP MVYLTLEPILKRRLFGHAQLIQSDDDIGDHQPFANAHDVLARSRSRANVLNKVEYAQQR
      *.* **.*..... ** .....* .* **      .. . . . .**..** ****
FR MLFLLLVDPLIRKPD-PLAQLTHNEEDSEDIQP-----QMSGDPARGNTVLERVEGAQQR
HP WKLQVQEQRKSVFDRHVLS
      ** *****.***** .*
FR WKKQVQEQRKTVFDRHKML

```

また、本 cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 N 3 3 8 9 9）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコ

ードしているかどうかは判定できない。

【0051】

<HP10537> (配列番号8、18、28)

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10537のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、94bpの5' 非翻訳領域、423bpのORF、289pの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは140アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0052】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号R36207）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0053】

<HP10549> (配列番号9、19、29)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10549のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、11bpの5' 非翻訳領域、606bpのORF、1101pの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは201アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、3箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量23,346より大きい31kDaの翻訳産物が生成した。

【0054】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号N28687）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0055】

<HP10551> (配列番号10、20、30)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10551のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、152bpの5'非翻訳領域、750bpのORF、93pの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは249アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、3箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0056】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質T15B7 (GenBankアクセション番号AF022985)と類似性を有していた。表7に、本発明のヒト蛋白質(HP)と酵母仮想蛋白質15.9kDa(SC)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、41.3%の相同性を有していた。

【0057】

【表7】

表7

HP	MASSDEDGTNGGASEAGEDREAPGKRRRLGFLATAWLTFYDIAMTAGWLVLAIAMVRFYM
	..*.*.. .**.. .*
SC	MSVQTYLVAYNVLQILGWSAILVKTVLGLA
HP	EKGTHRGLYKSIQKTLKFFQTFALLEIVHCLIGIVPTSVIVTGVQVSSRIFMVWLITHSI
	. * .**.*.. .**.***.***.*..*.*.*..*.*.***.*..**.*
SC	NGLTWPQLYESVEFELKIFQTAAILEVIHAIVGLVRSPVGTAMQVTSRVVLVWPILHLC
HP	KPIQNEESVVLFLVAWTVTETIRYSFYTFSLLDH-LPYFIKWARYNFFIILYPVGVAGEL
	..*.*.***.***.***.***.*..*.*..*.*..*.***.***.***.*
SC	STARFSIGVPLLLVAWSVTEVIRYSFYALSVLKQPIPYFLLYRLTYLTYVLYPMGVSGEL

HP LTIYAALPHVKKKTGMFSIRLPNKYNVSFDYFFLLITMASYIPLFPQLYFHLRQRRKVL
 .*.*.*... **.*.....*. *.*. ** *.*.*.*.*.*.*.
 SC LTLFASLNEVDEKKILTLEMPNRLNMGISFWVLIIAALSYIPGFPQLYFYMIGQRKKIL
 HP HGEVIVEKDD
 *
 SC GGGSKKKQLIATNQNSTLFINYSPTKRQWKCFSAEFVDILCSPFGIFVIVIREESWKS

【0058】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号N67509）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0059】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0060】

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：238

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP00631

配列

Met	Ala	Leu	Val	Pro	Cys	Gln	Val	Leu	Arg	Met	Ala	Ile	Leu	Leu	Ser
1				5					10					15	
Tyr	Cys	Ser	Ile	Leu	Cys	Asn	Tyr	Lys	Ala	Ile	Glu	Met	Pro	Ser	His
			20					25					30		
Gln	Thr	Tyr	Gly	Gly	Ser	Trp	Lys	Phe	Leu	Thr	Phe	Ile	Asp	Leu	Val
		35					40					45			
Ile	Gln	Ala	Val	Phe	Phe	Gly	Ile	Cys	Val	Leu	Thr	Asp	Leu	Ser	Ser
	50					55					60				
Leu	Leu	Thr	Arg	Gly	Ser	Gly	Asn	Gln	Glu	Gln	Glu	Arg	Gln	Leu	Lys
	65				70				75					80	
Lys	Leu	Ile	Ser	Leu	Arg	Asp	Trp	Met	Leu	Ala	Val	Leu	Ala	Phe	Pro
			85					90						95	
Val	Gly	Val	Phe	Val	Val	Ala	Val	Phe	Trp	Ile	Ile	Tyr	Ala	Tyr	Asp
		100						105					110		
Arg	Glu	Met	Ile	Tyr	Pro	Lys	Leu	Leu	Asp	Asn	Phe	Ile	Pro	Gly	Trp
		115					120					125			
Leu	Asn	His	Gly	Met	His	Thr	Thr	Val	Leu	Pro	Phe	Ile	Leu	Ile	Glu
		130				135						140			
Met	Arg	Thr	Ser	His	His	Gln	Tyr	Pro	Ser	Arg	Ser	Ser	Gly	Leu	Thr

145	150	155	160
Ala Ile Cys Thr Phe Ser Val Gly Tyr Ile Leu Trp Val Cys Trp Val			
	165	170	175
His His Val Thr Gly Met Trp Val Tyr Pro Phe Leu Glu His Ile Gly			
	180	185	190
Pro Gly Ala Arg Ile Ile Phe Phe Gly Ser Thr Thr Ile Leu Met Asn			
	195	200	205
Phe Leu Tyr Leu Leu Gly Glu Val Leu Asn Asn Tyr Ile Trp Asp Thr			
	210	215	220
Gln Lys Ser Met Glu Glu Glu Lys Glu Lys Pro Lys Leu Glu			
225	230	235	

【0061】

配列番号：2

配列の長さ：194

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP02403

配列

Met Ala Asp Pro Leu Arg Glu Arg Thr Glu Leu Leu Leu Ala Asp Tyr			
1	5	10	15
Leu Gly Tyr Cys Ala Arg Glu Pro Gly Thr Pro Glu Pro Ala Pro Ser			
	20	25	30
Thr Pro Glu Ala Ala Val Leu Arg Ser Ala Ala Ala Arg Leu Arg Gln			
	35	40	45

Ile His Arg Ser Phe Phe Ser Ala Tyr Leu Gly Tyr Pro Gly Asn Arg
 50 55 60
 Phe Glu Leu Val Ala Leu Met Ala Asp Ser Val Leu Ser Asp Ser Pro
 65 70 75 80
 Gly Pro Thr Trp Gly Arg Val Val Thr Leu Val Thr Phe Ala Gly Thr
 85 90 95
 Leu Leu Glu Arg Gly Pro Leu Val Thr Ala Arg Trp Lys Lys Trp Gly
 100 105 110
 Phe Gln Pro Arg Leu Lys Glu Gln Glu Gly Asp Val Ala Arg Asp Cys
 115 120 125
 Gln Arg Leu Val Ala Leu Leu Ser Ser Arg Leu Met Gly Gln His Arg
 130 135 140
 Ala Trp Leu Gln Ala Gln Gly Gly Trp Asp Gly Phe Cys His Phe Phe
 145 150 155 160
 Arg Thr Pro Phe Pro Leu Ala Phe Trp Arg Lys Gln Leu Val Gln Ala
 165 170 175
 Phe Leu Ser Cys Leu Leu Thr Thr Ala Phe Ile Tyr Leu Trp Thr Arg
 180 185 190

Leu Leu

【0062】

配列番号：3

配列の長さ：139

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名: HPO2420

配列

Met	Glu	Ala	Val	Val	Phe	Val	Phe	Ser	Leu	Leu	Asp	Cys	Cys	Ala	Leu
1				5					10					15	
Ile	Phe	Leu	Ser	Val	Tyr	Phe	Ile	Ile	Thr	Leu	Ser	Asp	Leu	Glu	Cys
				20					25					30	
Asp	Tyr	Ile	Asn	Ala	Arg	Ser	Cys	Cys	Ser	Lys	Leu	Asn	Lys	Trp	Val
				35					40					45	
Ile	Pro	Glu	Leu	Ile	Gly	His	Thr	Ile	Val	Thr	Val	Leu	Leu	Leu	Met
				50					55					60	
Ser	Leu	His	Trp	Phe	Ile	Phe	Leu	Leu	Asn	Leu	Pro	Val	Ala	Thr	Trp
				65					70					75	
Asn	Ile	Tyr	Arg	Tyr	Ile	Met	Val	Pro	Ser	Gly	Asn	Met	Gly	Val	Phe
				85					90					95	
Asp	Pro	Thr	Glu	Ile	His	Asn	Arg	Gly	Gln	Leu	Lys	Ser	His	Met	Lys
				100					105					110	
Glu	Ala	Met	Ile	Lys	Leu	Gly	Phe	His	Leu	Leu	Cys	Phe	Phe	Met	Tyr
				115					120					125	
Leu	Tyr	Ser	Met	Ile	Leu	Ala	Leu	Ile	Asn	Asp					
				130					135						

【0063】

配列番号: 4

配列の長さ: 323

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 蛋白質

ハイボセティカル: No

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10349

配列

Met	Ala	Ala	Pro	Lys	Gly	Ser	Leu	Trp	Val	Arg	Thr	Gln	Leu	Gly	Leu
1				5					10					15	
Pro	Pro	Leu	Leu	Leu	Leu	Thr	Met	Ala	Leu	Ala	Gly	Gly	Ser	Gly	Thr
			20					25					30		
Ala	Ser	Ala	Glu	Ala	Phe	Asp	Ser	Val	Leu	Gly	Asp	Thr	Ala	Ser	Cys
		35				40						45			
His	Arg	Ala	Cys	Gln	Leu	Thr	Tyr	Pro	Leu	His	Thr	Tyr	Pro	Lys	Glu
	50				55					60					
Glu	Glu	Leu	Tyr	Ala	Cys	Gln	Arg	Gly	Cys	Arg	Leu	Phe	Ser	Ile	Cys
65				70				75					80		
Gln	Phe	Val	Asp	Asp	Gly	Ile	Asp	Leu	Asn	Arg	Thr	Lys	Leu	Glu	Cys
			85					90					95		
Glu	Ser	Ala	Cys	Thr	Glu	Ala	Tyr	Ser	Gln	Ser	Asp	Glu	Gln	Tyr	Ala
		100						105					110		
Cys	His	Leu	Gly	Cys	Gln	Asn	Gln	Leu	Pro	Phe	Ala	Glu	Leu	Arg	Gln
		115					120						125		
Glu	Gln	Leu	Met	Ser	Leu	Met	Pro	Lys	Met	His	Leu	Leu	Phe	Pro	Leu
		130				135						140			
Thr	Leu	Val	Arg	Ser	Phe	Trp	Ser	Asp	Met	Met	Asp	Ser	Ala	Gln	Ser
145				150					155					160	
Phe	Ile	Thr	Ser	Ser	Trp	Thr	Phe	Tyr	Leu	Gln	Ala	Asp	Asp	Gly	Lys
			165					170					175		
Ile	Val	Ile	Phe	Gln	Ser	Lys	Pro	Glu	Ile	Gln	Tyr	Ala	Pro	His	Leu
		180						185					190		
Glu	Gln	Glu	Pro	Thr	Asn	Leu	Arg	Glu	Ser	Ser	Leu	Ser	Lys	Met	Ser
		195					200						205		

特平 10-18000

Tyr Leu Gln Met Arg Asn Ser Gln Ala His Arg Asn Phe Leu Glu Asp

2

特平 10-18000

20	25	30
Leu Leu Leu Gly Ala Val	Leu His Gly Thr Val	Leu Arg His Val Ala
35	40	45
Asn Pro Arg Gly Ala Val	Thr Pro Glu Tyr Thr	Val Ala Asn Val Ile
50	55	60
Ser Val Gly Ser Gly Leu	Leu Ser Val Ser Val	Gly Leu Val Ala Leu
65	70	75
Leu Ala Ser Arg Asn Leu	Leu Arg Pro Pro Leu	His Trp Val Leu Leu
85	90	95
Ala Leu Ala Leu Val Asn	Leu Leu Leu Ser Val	Ala Cys Ser Leu Gly
100	105	110
Leu Leu Leu Ala Val Ser	Leu Thr Val Ala Asn	Gly Gly Arg Arg Leu
115	120	125
Ile Ala Asp Cys His Pro	Gly Leu Leu Asp Pro	Leu Val Pro Leu Asp
130	135	140
Glu Gly Pro Gly His Thr	Asp Cys Pro Phe Asp	Pro Thr Arg Ile Tyr
145	150	155
Asp Thr Ala Leu Ala Leu	Trp Ile Pro Ser Leu	Leu Met Ser Ala Gly
165	170	175
Glu Ala Ala Leu Ser Gly	Tyr Cys Cys Val Ala	Ala Leu Thr Leu Arg
180	185	190
Gly Val Gly Pro Cys Arg	Lys Asp Gly Leu Gln	Gly Gln Val Val Ala
195	200	205
Gly Cys Asp Ala Arg Val	Lys Gln Lys Ala Trp	Gln Pro Arg Phe Pro
210	215	220
Gly Ile Lys Val Lys Ala	Leu	
225	230	

【0065】

配列番号：6

配列の長さ：97

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10524

配列

Met	Thr	Ser	Leu	Leu	Thr	Thr	Pro	Ser	Pro	Arg	Glu	Glu	Leu	Met	Thr
1				5					10					15	
Thr	Pro	Ile	Leu	Gln	Pro	Thr	Glu	Ala	Leu	Ser	Pro	Glu	Asp	Gly	Ala
				20				25					30		
Ser	Thr	Ala	Leu	Ile	Ala	Val	Val	Ile	Thr	Val	Val	Phe	Leu	Thr	Leu
				35				40					45		
Leu	Ser	Val	Val	Ile	Leu	Ile	Phe	Phe	Tyr	Leu	Tyr	Lys	Asn	Lys	Gly
				50				55					60		
Ser	Tyr	Val	Thr	Tyr	Glu	Pro	Thr	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Ala	Ile	Val
				65				70					75		80
Gln	Met	Glu	Ser	Asp	Leu	Ala	Lys	Gly	Ser	Glu	Lys	Glu	Glu	Tyr	Phe
				85				90						95	
Ile															

【0066】

配列番号：7

配列の長さ：198

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP10529

配列

Met	Ala	Thr	Leu	Trp	Gly	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Gly	Ser	Leu	Leu	Ser
1				5					10					15	
Leu	Ser	Cys	Leu	Ala	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Leu	Ala	Gln	Leu	Ser	Asp
			20					25					30		
Ala	Ala	Lys	Asn	Phe	Glu	Asp	Val	Arg	Cys	Lys	Cys	Ile	Cys	Pro	Pro
		35					40					45			
Tyr	Lys	Glu	Asn	Ser	Gly	His	Ile	Tyr	Asn	Lys	Asn	Ile	Ser	Gln	Lys
	50					55					60				
Asp	Cys	Asp	Cys	Leu	His	Val	Val	Glu	Pro	Met	Pro	Val	Arg	Gly	Pro
65				70						75				80	
Asp	Val	Glu	Ala	Tyr	Cys	Leu	Arg	Cys	Glu	Cys	Lys	Tyr	Glu	Glu	Arg
			85					90					95		
Ser	Ser	Val	Thr	Ile	Lys	Val	Thr	Ile	Ile	Ile	Tyr	Leu	Ser	Ile	Leu
		100						105					110		
Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Tyr	Met	Val	Tyr	Leu	Thr	Leu	Val	Glu	Pro	Ile
		115					120					125			
Leu	Lys	Arg	Arg	Leu	Phe	Gly	His	Ala	Gln	Leu	Ile	Gln	Ser	Asp	Asp
	130				135						140				
Asp	Ile	Gly	Asp	His	Gln	Pro	Phe	Ala	Asn	Ala	His	Asp	Val	Leu	Ala
145				150					155					160	
Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ala	Asn	Val	Leu	Asn	Lys	Val	Glu	Tyr	Ala	Gln

165 170 175
Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp
180 185 190
Arg His Val Val Leu Ser

195

【0067】

配列番号：8

配列の長さ：140

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP10537

配列

Met Gly Arg Val Ser Gly Leu Val Pro Ser Arg Phe Leu Thr Leu Leu
1 5 10 15
Ala His Leu Val Val Val Ile Thr Leu Phe Trp Ser Arg Asp Ser Asn
20 25 30
Ile Gln Ala Cys Leu Pro Leu Thr Phe Thr Pro Glu Glu Tyr Asp Lys
35 40 45
Gln Asp Ile Gln Leu Val Ala Ala Leu Ser Val Thr Leu Gly Leu Phe
50 55 60
Ala Val Glu Leu Ala Gly Phe Leu Ser Gly Val Ser Met Phe Asn Ser
65 70 75 80
Thr Gln Ser Leu Ile Ser Ile Gly Ala His Cys Ser Ala Ser Val Ala

				85					90					95		
Leu	Ser	Phe	Phe	Ile	Phe	Glu	Arg	Trp	Glu	Cys	Thr	Thr	Tyr	Trp	Tyr	
				100					105					110		
Ile	Phe	Val	Phe	Cys	Ser	Ala	Leu	Pro	Ala	Val	Thr	Glu	Met	Ala	Leu	
				115					120					125		
Phe	Val	Thr	Val	Phe	Gly	Leu	Lys	Lys	Lys	Pro	Phe					
				130					135					140		

【 0 0 6 8 】

配列番号：9

配列の長さ：201

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10549

配列

Met	Asn	Arg	Thr	Asn	Val	Asn	Val	Phe	Ser	Glu	Leu	Ser	Ala	Pro	Arg
1				5				10						15	
Arg	Asn	Glu	Asp	Phe	Val	Leu	Leu	Leu	Thr	Tyr	Val	Leu	Phe	Leu	Met
			20					25					30		
Ala	Leu	Thr	Phe	Leu	Met	Ser	Ser	Phe	Thr	Phe	Cys	Gly	Ser	Phe	Thr
		35						40					45		
Gly	Trp	Lys	Arg	His	Gly	Ala	His	Ile	Tyr	Leu	Thr	Met	Leu	Leu	Ser
	50						55					60			
Ile	Ala	Ile	Trp	Val	Ala	Trp	Ile	Thr	Leu	Leu	Met	Leu	Pro	Asp	Phe
65					70					75					80

【0069】

配列の長さ：249

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名: HP 10551

配列

Met Ala Ser Ser Asp Glu Asp Gly Thr Asn Gly Gly Ala Ser Glu Ala

1	5	10	15
Gly Glu Asp Arg Glu Ala Pro Gly Lys Arg Arg Arg Leu Gly Phe Leu			
20	25	30	
Ala Thr Ala Trp Leu Thr Phe Tyr Asp Ile Ala Met Thr Ala Gly Trp			
35	40	45	
Leu Val Leu Ala Ile Ala Met Val Arg Phe Tyr Met Glu Lys Gly Thr			
50	55	60	
His Arg Gly Leu Tyr Lys Ser Ile Gln Lys Thr Leu Lys Phe Phe Gln			
65	70	75	80
Thr Phe Ala Leu Leu Glu Ile Val His Cys Leu Ile Gly Ile Val Pro			
85	90	95	
Thr Ser Val Ile Val Thr Gly Val Gln Val Ser Ser Arg Ile Phe Met			
100	105	110	
Val Trp Leu Ile Thr His Ser Ile Lys Pro Ile Gln Asn Glu Glu Ser			
115	120	125	
Val Val Leu Phe Leu Val Ala Trp Thr Val Thr Glu Ile Thr Arg Tyr			
130	135	140	
Ser Phe Tyr Thr Phe Ser Leu Leu Asp His Leu Pro Tyr Phe Ile Lys			
145	150	155	160
Trp Ala Arg Tyr Asn Phe Phe Ile Ile Leu Tyr Pro Val Gly Val Ala			
165	170	175	
Gly Glu Leu Leu Thr Ile Tyr Ala Ala Leu Pro His Val Lys Lys Thr			
180	185	190	
Gly Met Phe Ser Ile Arg Leu Pro Asn Lys Tyr Asn Val Ser Phe Asp			
195	200	205	
Tyr Tyr Tyr Phe Leu Leu Ile Thr Met Ala Ser Tyr Ile Pro Leu Phe			
210	215	220	
Pro Gln Leu Tyr Phe His Met Leu Arg Gln Arg Arg Lys Val Leu His			
225	230	235	240

Gly Glu Val Ile Val Glu Lys Asp Asp

245

【0070】

配列番号：11

配列の長さ：714

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP00631

配列

ATGGCGCTTG TCCCCTGCCA GGTGCTGCGG ATGGCAATCC TGCTGTCTTA CTGCTCTATC	60
CTGTGTAAC TACAAGGCCAT CGAAATGCCC TCACACCAGA CCTACGGAGG GAGCTGGAAA	120
TTCCTGACGT TCATTGATCT GGTTATCCAG GCTGTCTTTT TTGGCATCTG TGTGCTGACT	180
GATCTTTCCA GTCTTCTGAC TCGAGGAAGT GGGAAACCAGG AGCAAGAGAG GCAGCTCAAG	240
AAGCTCATCT CTCTCCGGGA CTGGATGTTA GCTGTGTTGG CCTTCCTGT TGGGGTTTTT	300
GTTGTAGCAG TGTTCTGGAT CATTATATGCC TATGACAGAG AGATGATATA CCCGAAGCTG	360
CTGGATAATT TTATCCCAGG GTGGCTGAAT CACGGAATGC ACACGACGGT TCTGCCCTTT	420
ATATTAATCG AGATGAGGAC ATCGCACCAT CAGTATCCCA GCAGGAGCAG CGGACTTACC	480
GCCATATGTA CCTTCTCTGT TGGCTATATA TTATGGGTGT GCTGGGTGCA TCATGTAAC T	540
GGCATGTGGG TGTACCCTTT CCTGGAACAC ATTGGCCCAG GAGCCAGAAT CATCTTCTTT	600
GGGTCTACAA CCATCTTAAT GAACTTCCTG TACCTGCTGG GAGAAGTTCT GAACAACTAT	660
ATCTGGGATA CACAGAAAAG TATGGAAGAA GAGAAAAGAAA AGCCTAAATT GGAA	714

【0071】

配列番号：12

配列の長さ：582

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP02403

配列

ATGGCCGACC CGCTGCGGGA GCGCACCGAG CTGTTGCTGG CCGACTACCT GGGGTACTGC	60
GCCCGGGAAC CCGGCACCCC CGAGCCGGCG CCATCCACGC CCGAGGCCGC CGTGCTGCGC	120
TCCGCGGCCG CCAGGTTACG GCAGATTAC CGGTCCTTTT TCTCCGCCTA CCTCGGCTAC	180
CCCGGGAACC GCTTCGAGCT GGTGGCGCTG ATGGCGGATT CCGTGCTCTC CGACAGCCCC	240
GGCCCCACCT GGGGCAGAGT GGTGACGCTC GTGACCTTCG CAGGGACGCT GCTGGAGAGA	300
GGGCCGCTGG TGACCGCCCG GTGGAAGAAG TGGGGCTTCC AGCCGCGGCT AAAGGAGCAG	360
GAGGGCGACG TCGCCCGGGA CTGCCAGCGC CTGGTGGCCT TGCTGAGCTC GCGGCTCATG	420
GGGCAGCACC GCGCCTGGCT GCAGGCTCAG GCGGGCTGGG ATGGCTTTTG TCACTTCTTC	480
AGGACCCCTT TTCCACTGGC TTTTGGAGA AAACAGCTGG TCCAGGCTTT TCTGTCATGC	540
TTGTTAACAA CAGCCTTCAT TTATCTCTGG ACACGATTAT TA	582

【0072】

配列番号：13

配列の長さ：417

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP02420

配列

```

ATGGAGGCGG TGGTGTTCGT CTTCTCTCTC CTCGATTGTT GCGCGCTCAT CTTCTCTCTG    60
GTCTACTTCA TAATTACATT GTCTGATTGA GAATGTGATT ACATTAATGC TAGATCATGT    120
TGCTCAAAAT TAAACAAGTG GGTAATTCCA GAATTGATTG GCCATACCAT TGTCACGTGA    180
TTCCTTCTCA ACTTACCTGT TGCCACTTGG    240
AATATATATC GATACATTAT GGTGCCGAGT GGTAACATGG GAGTGTGTTGA TCCAACAGAA    300
ATACACAATC GAGGGCAGCT GAAGTCACAC ATGAAAGAAG CCATGATCAA GCTTGGTTC    360
CACTTGCTCT GCTTCTTCAT GTATCTTTAT AGTATGATCT TAGCTTTGAT AAATGAC    417

```

【0073】

配列番号：14

配列の長さ：969

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10349

配列

```

ATGGCGGCGC CGAAGGGGAG CCTCTGGGTG AGGACCCAAC TGGGGCTCCC GCCGCTGCTG    60
CTGCTGACCA TGGCCTTGGC CGGAGGTTTCG GGGACCGCTT CGGCTGAAGC ATTTGACTCG    120
GTCTTGGGTG ATACGGCGTC TTGCCACCGG GCCTGTCAGT TGACCTACCC CTTGCACACC    180
TACCCTAAGG AAGAGGAGTT GTACGCATGT CAGAGAGGTT GCAGGCTGTT TTCAATTTGT    240
CAGTTTGTGG ATGATGGAAT TGACTTAAAT CGAACTAAAT TGGAATGTGA ATCTGCATGT    300
ACAGAAGCAT ATTCCCAATC TGATGAGCAA TATGCTTGCC ATCTTGTTG CCAGAATCAG    360
CTGCCATTCG CTGAACTGAG ACAAGAACAA CTTATGTCCC TGATGCCAAA AATGCACCTA    420

```


CTCTTTCTC TAACTCTGGT GAGGTCATTC TGGAGTGACA TGATGGACTC CGCACAGAGC	480
TTCATAACCT CTTTCATGGAC TTTTATCTT CAAGCCGATG ACGGAAAAAT AGTTATATTC	540
CAGTCTAAGC CAGAAATCCA GTACGCACCA CATTTGGAGC AGGAGCCTAC AAATTTGAGA	600
GAATCATCTC TAAGCAAAAT GTCCTATCTG CAAATGAGAA ATTCACAAGC GCACAGGAAT	660
TTTCTTGAAG ATGGAGAAAG TGATGGCTTT TTAAGATGCC TCTCTCTTAA CTCTGGGTGG	720
ATTTTAACTA CAACTCTTGT CCTCTCGGTG ATGGTATTGC TTTGGATTG TTGTGCAACT	780
GTTGCTACAG CTGTGGAGCA GTATGTTCCC TCTGAGAAGC TGAGTATCTA TGGTGACTTG	840
GAGTTTATGA ATGAACAAAA GCTAAACAGA TATCCAGCTT CTTCTCTTGT GGTTGTTAGA	900
TCTAAACTG AAGATCATGA AGAAGCAGGG CCTCTACCTA CAAAAGTGAA TCTTGCTCAT	960
TCTGAAATT	969

【0074】

配列番号：15

配列の長さ：693

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10508

配列

ATGAGGCGCT GCAGTCTCTG CGCTTTCGAC GCCGCCCGGG GGCCCAGGCG GCTGATGCGT	60
GTGGGCCTCG CGCTGATCTT GGTGGGCCAC GTGAACCTGC TGCTGGGGGC CGTGCTGCAT	120
GGCACCGTCC TGCGGCACGT GGCCAATCCC CGCGGCGCTG TCACGCCGGA GTACACCGTA	180
GCCAATGTCA TCTCTGTCTG CTCGGGGCTG CTGAGCGTTT CCGTGGGACT TGTGGCCCTC	240
CTGGCGTCCA GGAACCTTCT TCGCCCTCCA CTGCACTGGG TCCTGCTGGC ACTAGCTCTG	300
GTGAACCTGC TCTTGCTCCG TGCCCTGCTCC CTGGGCCTCC TTCTTGCTGT GTCACCTACT	360
GTGGCCAACG GTGGCCGCCG CCTTATTGCT GACTGCCACC CAGGACTGCT GGATCCTCTG	420

GTACCACTGG ATGAGGGGCC GGGACATACT GACTGCCCCT TTGACCCAC AAGAATCTAT	480
GATACAGCCT TGGCTCTCTG GATCCCTTCT TTGCTCATGT CTGCAGGGGA GGCTGCTCTA	540
TCTGGTTACT GCTGTGTGGC TGCCTCACT CTACGTGGAG TTGGGCCCTG CAGGAAGGAC	600
GGACTTCAGG GGCAGGTAGT AGCTGGGTGT GACGCAAGAG TGAAACAGAA AGCCTGGCAG	660
CCACGGTTTC CTGGGATTAA AGTCAAAGCA TTA	693

【0075】

配列番号：16

配列の長さ：291

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10524

配列

ATGACCAGCC TCCTGACTAC TCCTTCTCCA AGAGAAGAAC TGATGACCAC CCCAATTTTA	60
CAGCCCCTG AGGCCCTGTC CCCAGAAGAT GGAGCCAGCA CAGCACTCAT TGCAGTTGTT	120
ATCACCGTTG TCTTCCTCAC CCTGCTCTCG GTCGTGATCT TGATCTTCTT TTACCTGTAC	180
AAGAACAAAG GCAGCTACGT CACCTATGAA CCTACAGAAG GTGAGCCCAG TGCCATCGTC	240
CAGATGGAGA GTGACTTGGC CAAGGGCAGC GAGAAAGAGG AATATTTCAT C	291

【0076】

配列番号：17

配列の長さ：594

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 骨肉腫

セルライン: S a o s - 2

クローン名: H P 1 0 5 2 9

配列

ATGGCGACCC TGTGGGGAGG CCTTCTTCGG CTTGGCTCCT TGCTCAGCCT GTCGTGCCTG	60
GCGCTTTCCG TGCTGCTGCT GGCGCAGCTG TCAGACGCCG CCAAGAATTT CGAGGATGTC	120
AGATGTAAAT GTATCTGCCC TCCCTATAAA GAAAATTCTG GGCATATTTA TAATAAGAAC	180
ATATCTCAGA AAGATTGTGA TTGCCTTCAT GTTGTGGAGC CCATGCCTGT GCGGGGGCCT	240
GATGTAGAAG CATACTGTCT ACGCTGTGAA TGCAAAATATG AAGAAAGAAG CTCTGTCACA	300
ATCAAGGTTA CCATTATAAT TTATCTCTCC ATTTTGGGCC TTCTACTTCT GTACATGGTA	360
TATCTTACTC TGGTTGAGCC CATACTGAAG AGGCGCCTCT TTGGACATGC ACAGTTGATA	420
CAGAGTGATG ATGATATTGG GGATCACCAG CCTTTTGCAA ATGCACACGA TGTGCTAGCC	480
CGCTCCCGCA GTCGAGCCAA CGTGCTGAAC AAGGTAGAAT ATGCACAGCA GCGCTGGAAG	540
CTTCAAGTCC AAGAGCAGCG AAAGTCTGTC TTTGACCGGC ATGTTGTCCT CAGC	594

【 0 0 7 7 】

配列番号: 1 8

配列の長さ: 4 2 0

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: c D N A t o m R N A

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 骨肉腫

セルライン: S a o s - 2

クローン名: H P 1 0 5 3 7

配列

ATGGGCCGGG TCTCAGGGCT TGTGCCCTCT CGCTTCCTGA CGCTCCTGGC GCATCTGGTG	60
GTCGTCATCA CCTTATTCTG GTCCCGGGAC AGCAACATAC AGGCCTGCCT GCCTCTCACC	120
TTCACCCCCG AGGAGTATGA CAAGCAGGAC ATTCAGCTGG TGGCCGCGCT CTCTGTCACC	180
CTGGGCCTCT TTGCAGTGGA GCTGGCCGGT TTCCTCTCAG GAGTCTCCAT GTTCAACAGC	240
ACCCAGAGCC TCATCTCCAT TGGGGCTCAC TGTAAGTGCAT CCGTGGCCCT GTCCTTCTTC	300
ATATTGAGC GTTGGGAGTG CACTACGTAT TGGTACATTT TTGTCTTCTG CAGTGCCCTT	360
CCAGCTGTCA CTGAAATGGC TTTATTCTGTC ACCGTCTTTG GGCTGAAAAA GAAACCCTTC	420

【0078】

配列番号：19

配列の長さ：603

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10549

配列

ATGAATAGGA CCAACGTCAA TGTCTTTTCT GAGCTTTCCG CTCCTCGTCG CAATGAAGAC	60
TTTGTCTCC TGCTCACCTA CGTCCTCTTC TTGATGGCGC TGACCTTCCT CATGTCCTCC	120
TTCACCTTCT GTGGTTCCTT CACGGGCTGG AAGAGACATG GGGCCCACAT CTACCTCAGC	180
ATGCTCCTCT CCATTGCCAT CTGGGTGGCC TGGATCACCC TGCTCATGCT TCCTGACTTT	240
GACCGCAGGT GGGATGACAC CATCCTCAGC TCCGCCTTGG CTGCCAATGG CTGGGTGTTC	300
CTGTTGGCTT ATGTTAGTCC CGAGTTTTGG CTGCTCACAA AGCAACGAAA CCCCATGGAT	360
TATCCTGTTG AGGATGCTTT CTGTAAACCT CAACTCGTGA AGAAGAGCTA TGGTGTGGAG	420
AACAGAGCCT ACTCTCAAGA GGAAATCACT CAAGGTTTTG AAGAGACAGG GGACACGCTC	480
TATGCCCCCT ATTCCACACA TTTTCAGCTG CAGAACCAGC CTCCCCAAAA GGAATTCTCC	540
ATCCCACGGG CCCACGCTTG GCCGAGCCCT TACAAAGACT ATGAAGTAAA GAAAGAGGGC	600

AGC

603

【0079】

配列番号：20

配列の長さ：747

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10551

配列

ATGGCGTCCA GCGACGAGGA CGGCACCAAC GGCGGCGCCT CGGAGGCCGG CGAGGACCGG	60
GAGGCTCCCC GCAAGCGGAG GCGCCTGGGG TTCTTGGCCA CCGCCTGGCT CACCTTCTAC	120
GACATCGCCA TGACCGCGGG GTGGTTGGTT CTAGCTATTG CCATGGTACG TTTTATATG	180
GAAAAAGGAA CACACAGAGG TTTATATAAA AGTATTCAGA AGACACTTAA ATTTTCCAG	240
ACATTTGCCT TGCTTGAGAT AGTTCCTGT TTAATTGGAA TTGTACCTAC TTCTGTGATT	300
GTGACTGGGG TCCAAGTGAG TTCAAGAATC TTTATGGTGT GGCTCATTAC TCACAGTATA	360
AAACCAATCC AGAATGAAGA GAGTGTGGTG CTTTTTCTGG TCGCGTGGAC TGTGACAGAG	420
ATCACTCGCT ATTCCTTCTA CACATTCAGC CTCTTGACC ACTTGCCATA CTTCATTA	480
TGGGCCAGAT ATAATTTTTT TATCATCTTA TATCCTGTTG GAGTTGCTGG TGAACCTCTT	540
ACAATATACG CTGCCTTGCC GCATGTGAAG AAAACAGGAA TGTTTTCAAT AAGACTTCCT	600
AACAAATACA ATGTCTCTTT TGACTIONTAT TATTTTCTTC TTATAACCAT GGCATCATAT	660
ATACCTTTGT TTCCACAACT CTATTTTCAT ATGTTACGTC AAAGAAGAAA GGTGCTTCAT	720
GGAGAGGTGA TTGTAGAAAA GGATGAT	747

【0080】

配列番号：21

配列の長さ：1085

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP00631

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：26..742

特徴を決定した方法：E

配列

CAGCCGGTCC AGGCCTCTGG CGAAC ATG GCG CTT GTC CCC TGC CAG GTG CTG	52
Met Ala Leu Val Pro Cys Gln Val Leu	
1 5	
CGG ATG GCA ATC CTG CTG TCT TAC TGC TCT ATC CTG TGT AAC TAC AAG	100
Arg Met Ala Ile Leu Leu Ser Tyr Cys Ser Ile Leu Cys Asn Tyr Lys	
10 15 20 25	
GCC ATC GAA ATG CCC TCA CAC CAG ACC TAC GGA GGG AGC TGG AAA TTC	148
Ala Ile Glu Met Pro Ser His Gln Thr Tyr Gly Gly Ser Trp Lys Phe	
30 35 40	
CTG ACG TTC ATT GAT CTG GTT ATC CAG GCT GTC TTT TTT GGC ATC TGT	196
Leu Thr Phe Ile Asp Leu Val Ile Gln Ala Val Phe Phe Gly Ile Cys	
45 50 55	
GTG CTG ACT GAT CTT TCC AGT CTT CTG ACT CGA GGA AGT GGG AAC CAG	244
Val Leu Thr Asp Leu Ser Ser Leu Leu Thr Arg Gly Ser Gly Asn Gln	
60 65 70	

GAG CAA GAG AGG CAG CTC AAG AAG CTC ATC TCT CTC CGG GAC TGG ATG	292
Glu Gln Glu Arg Gln Leu Lys Lys Leu Ile Ser Leu Arg Asp Trp Met	
75 80 85	
TTA GCT GTG TTG GCC TTT CCT GTT GGG GTT TTT GTT GTA GCA GTG TTC	340
Leu Ala Val Leu Ala Phe Pro Val Gly Val Phe Val Val Ala Val Phe	
90 95 100 105	
TGG ATC ATT TAT GCC TAT GAC AGA GAG ATG ATA TAC CCG AAG CTG CTG	388
Trp Ile Ile Tyr Ala Tyr Asp Arg Glu Met Ile Tyr Pro Lys Leu Leu	
110 115 120	
GAT AAT TTT ATC CCA GGG TGG CTG AAT CAC GGA ATG CAC ACG ACG GTT	436
Asp Asn Phe Ile Pro Gly Trp Leu Asn His Gly Met His Thr Thr Val	
125 130 135	
CTG CCC TTT ATA TTA ATC GAG ATG AGG ACA TCG CAC CAT CAG TAT CCC	484
Leu Pro Phe Ile Leu Ile Glu Met Arg Thr Ser His His Gln Tyr Pro	
140 145 150	
AGC AGG AGC AGC GGA CTT ACC GCC ATA TGT ACC TTC TCT GTT GGC TAT	532
Ser Arg Ser Ser Gly Leu Thr Ala Ile Cys Thr Phe Ser Val Gly Tyr	
155 160 165	
ATA TTA TGG GTG TGC TGG GTG CAT CAT GTA ACT GGC ATG TGG GTG TAC	580
Ile Leu Trp Val Cys Trp Val His His Val Thr Gly Met Trp Val Tyr	
170 175 180 185	
CCT TTC CTG GAA CAC ATT GGC CCA GGA GCC AGA ATC ATC TTC TTT GGG	628
Pro Phe Leu Glu His Ile Gly Pro Gly Ala Arg Ile Ile Phe Phe Gly	
190 195 200	
TCT ACA ACC ATC TTA ATG AAC TTC CTG TAC CTG CTG GGA GAA GTT CTG	676
Ser Thr Thr Ile Leu Met Asn Phe Leu Tyr Leu Leu Gly Glu Val Leu	
205 210 215	
AAC AAC TAT ATC TGG GAT ACA CAG AAA AGT ATG GAA GAA GAG AAA GAA	724
Asn Asn Tyr Ile Trp Asp Thr Gln Lys Ser Met Glu Glu Glu Lys Glu	

220 225 230
AAG CCT AAA TTG GAA TGAGATCCAA GTCTAAACGC AAGAGCTAGA TTGAGCCGCC A 780
Lys Pro Lys Leu Glu

235
TTGAAGACTC CTTCCCCTCG GGCATTGGCA GTGGGGGAGA AAAGGCTTCA AAGGAACTTG 840
GTGGCATCAG CACCCCCCTC CCCCAATGAG GACACCTTTT ATATATAAAT ATGTATAAAC 900
ATAGAATACA GTTGTTCCTA AAAGAACTCA CCCTCACTGT GTGTAAAGA ATTCTTCCCA 960
AAGTCATTAC TGATAATAAC ATTTTTTCC TTTTCTAGTT TTAACCAG AATTGGACCT 1020
TGGATTTTAA TTTTGGCAAT TGTAACCTCA TCTAATCAAG AAAGAATAAA AGTTTATTGC 1080
ACTTC 1085

【0081】

配列番号：22

配列の長さ：1168

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP02403

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：7..591

特徴を決定した方法：E

配列

ACCACC ATG GCC GAC CCG CTG CGG GAG CGC ACC GAG CTG TTG CTG GCC 48

Met Ala Asp Pro Leu Arg Glu Arg Thr Glu Leu Leu Leu Ala

1

5

10

GAC TAC CTG GGG TAC TGC GCC CGG GAA CCC GGC ACC CCC GAG CCG GCG	96
Asp Tyr Leu Gly Tyr Cys Ala Arg Glu Pro Gly Thr Pro Glu Pro Ala	
15 20 25 30	
CCA TCC ACG CCC GAG GCC GCC GTG CTG CGC TCC GCG GCC GCC AGG TTA	144
Pro Ser Thr Pro Glu Ala Ala Val Leu Arg Ser Ala Ala Ala Arg Leu	
35 40 45	
CGG CAG ATT CAC CGG TCC TTT TTC TCC GCC TAC CTC GGC TAC CCC GGG	192
Arg Gln Ile His Arg Ser Phe Phe Ser Ala Tyr Leu Gly Tyr Pro Gly	
50 55 60	
AAC CGC TTC GAG CTG GTG GCG CTG ATG GCG GAT TCC GTG CTC TCC GAC	240
Asn Arg Phe Glu Leu Val Ala Leu Met Ala Asp Ser Val Leu Ser Asp	
65 70 75	
AGC CCC GGC CCC ACC TGG GGC AGA GTG GTG ACG CTC GTG ACC TTC GCA	288
Ser Pro Gly Pro Thr Trp Gly Arg Val Val Thr Leu Val Thr Phe Ala	
80 85 90	
GGG ACG CTG CTG GAG AGA GGG CCG CTG GTG ACC GCC CGG TGG AAG AAG	336
Gly Thr Leu Leu Glu Arg Gly Pro Leu Val Thr Ala Arg Trp Lys Lys	
95 100 105 110	
TGG GGC TTC CAG CCG CGG CTA AAG GAG CAG GAG GGC GAC GTC GCC CGG	384
Trp Gly Phe Gln Pro Arg Leu Lys Glu Gln Glu Gly Asp Val Ala Arg	
115 120 125	
GAC TGC CAG CGC CTG GTG GCC TTG CTG AGC TCG CGG CTC ATG GGC CAG	432
Asp Cys Gln Arg Leu Val Ala Leu Leu Ser Ser Arg Leu Met Gly Gln	
130 135 140	
CAC CGC GCC TGG CTG CAG GCT CAG GGC GGC TGG GAT GGC TTT TGT CAC	480
His Arg Ala Trp Leu Gln Ala Gln Gly Gly Trp Asp Gly Phe Cys His	
145 150 155	
TTC TTC AGG ACC CCC TTT CCA CTG GCT TTT TGG AGA AAA CAG CTG GTC	528
Phe Phe Arg Thr Pro Phe Pro Leu Ala Phe Trp Arg Lys Gln Leu Val	

160	165	170	
CAG GCT TTT CTG TCA TGC TTG TTA ACA ACA GCC TTC ATT TAT CTC TGG			576
Gln Ala Phe Leu Ser Cys Leu Leu Thr Thr Ala Phe Ile Tyr Leu Trp			
175	180	185	190
ACA CGA TTA TTA TGAGTTTAA AACTTTTAAC CCGCTTCTAC CTGCCCAACT GT			630
Thr Arg Leu Leu			
GACCAACTAA ATGACAGATG TGTGAGAACA AGAACTGAGG GAAAGCACCT TCCCCACCC			690
CAGACGTTTT TACCTGAATG CATAACAAGGA GTCCTGAGGT GGTGATTTGG CCAGTGTTTT			750
AACTTG TGAC AAGTACTCAG GTGTGAGGAC AAGAATGCAA ATGGCTCTTC CTTGAGTGAA			810
AGAAATGGGG AGTCTAGAGC CTCTTTATGC CAAAGAACCG CAGAAGAAAC TGCATTCCAT			870
TAAATGGGAA ATACAGTGCT ATTTGCTAAA ACTTGGATAA GAGTGCGAAC CTCTCATCTC			930
TCCACAACCTT CATGTGCTGC TGACTAATTT TAAACATGGC CACAGCTGGG GCAAAATAAT			990
CCCCAAAGTA GAAAAAGTCC CAGTTTAACA AAGAATGTAA TGTAAAAATC ACTTATAAGG			1050
AATTCTTTGA AACCAAATCC TTTGAAATCT AATTCCTGGG ACTTCTAGGT TTTTATAGTT			1110
AACATACTAA TTTCTTCAAT AATTGTAAAC TGCAAAGTTT TAATAAATTT GTACCTTT			1168

【0082】

配列番号：23

配列の長さ：624

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP02420

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：36..455

特徴を決定した方法：E

配列

TTTGACGGAA GGAGCGGCGG CGACGGAGGA GGAGG ATG GAG GCG GTG GTG TTC	53
Met Glu Ala Val Val Phe	
1 5	
GTC TTC TCT CTC CTC GAT TGT TGC GCG CTC ATC TTC CTC TCG GTC TAC	101
Val Phe Ser Leu Leu Asp Cys Cys Ala Leu Ile Phe Leu Ser Val Tyr	
10 15 20	
TTC ATA ATT ACA TTG TCT GAT TTA GAA TGT GAT TAC ATT AAT GCT AGA	149
Phe Ile Ile Thr Leu Ser Asp Leu Glu Cys Asp Tyr Ile Asn Ala Arg	
25 30 35	
TCA TGT TGC TCA AAA TTA AAC AAG TGG GTA ATT CCA GAA TTG ATT GGC	197
Ser Cys Cys Ser Lys Leu Asn Lys Trp Val Ile Pro Glu Leu Ile Gly	
40 45 50	
CAT ACC ATT GTC ACT GTA TTA CTG CTC ATG TCA TTG CAC TGG TTC ATC	245
His Thr Ile Val Thr Val Leu Leu Leu Met Ser Leu His Trp Phe Ile	
55 60 65 70	
TTC CTT CTC AAC TTA CCT GTT GCC ACT TGG AAT ATA TAT CGA TAC ATT	293
Phe Leu Leu Asn Leu Pro Val Ala Thr Trp Asn Ile Tyr Arg Tyr Ile	
75 80 85	
ATG GTG CCG AGT GGT AAC ATG GGA GTG TTT GAT CCA ACA GAA ATA CAC	341
Met Val Pro Ser Gly Asn Met Gly Val Phe Asp Pro Thr Glu Ile His	
90 95 100	
AAT CGA GGG CAG CTG AAG TCA CAC ATG AAA GAA GCC ATG ATC AAG CTT	389
Asn Arg Gly Gln Leu Lys Ser His Met Lys Glu Ala Met Ile Lys Leu	
105 110 115	
GGT TTC CAC TTG CTC TGC TTC TTC ATG TAT CTT TAT AGT ATG ATC TTA	437
Gly Phe His Leu Leu Cys Phe Phe Met Tyr Leu Tyr Ser Met Ile Leu	

120	125	130	
GCT TTG ATA AAT GAC TGAAGCTGGA GAAGCCGTGG TTGAAGTCAG CCTACACT			490
Ala Leu Ile Asn Asp			
135			
ACAGTGCACA GTTGAGGAGC CAGAGACTTC TTAAATCATC CTTAGAACCG TGACCATAGC			550
AGTATATATT TTCCTCTTGG AACAAAAAAC TATTTTGTCT GTATTTTAC CATATAAAGT			610
ATTTAAAAAA CATG			624

【0083】

配列番号：24

配列の長さ：1121

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10349

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：17..988

特徴を決定した方法：E

配列

GACAGAGGGG	AACAAG	ATG GCG GCG CCG	AAG GGG AGC CTC	TGG GTG AGG ACC	52
Met Ala Ala Pro Lys Gly Ser Leu Trp Val Arg Thr					
1		5		10	
CAA CTG GGG CTC CCG CCG CTG CTG CTG CTG ACC ATG GCC TTG GCC GGA					100
Gln Leu Gly Leu Pro Pro Leu Leu Leu Thr Met Ala Leu Ala Gly					
15		20		25	

GGT TCG GGG ACC GCT TCG GCT GAA GCA TTT GAC TCG GTC TTG GGT GAT	148
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ala Glu Ala Phe Asp Ser Val Leu Gly Asp	
30 35 40	
ACG GCG TCT TGC CAC CGG GCC TGT CAG TTG ACC TAC CCC TTG CAC ACC	196
Thr Ala Ser Cys His Arg Ala Cys Gln Leu Thr Tyr Pro Leu His Thr	
45 50 55 60	
TAC CCT AAG GAA GAG GAG TTG TAC GCA TGT CAG AGA GGT TGC AGG CTG	244
Tyr Pro Lys Glu Glu Glu Leu Tyr Ala Cys Gln Arg Gly Cys Arg Leu	
65 70 75	
TTT TCA ATT TGT CAG TTT GTG GAT GAT GGA ATT GAC TTA AAT CGA ACT	292
Phe Ser Ile Cys Gln Phe Val Asp Asp Gly Ile Asp Leu Asn Arg Thr	
80 85 90	
AAA TTG GAA TGT GAA TCT GCA TGT ACA GAA GCA TAT TCC CAA TCT GAT	340
Lys Leu Glu Cys Glu Ser Ala Cys Thr Glu Ala Tyr Ser Gln Ser Asp	
95 100 105	
GAG CAA TAT GCT TGC CAT CTT GGT TGC CAG AAT CAG CTG CCA TTC GCT	388
Glu Gln Tyr Ala Cys His Leu Gly Cys Gln Asn Gln Leu Pro Phe Ala	
110 115 120	
GAA CTG AGA CAA GAA CAA CTT ATG TCC CTG ATG CCA AAA ATG CAC CTA	436
Glu Leu Arg Gln Glu Gln Leu Met Ser Leu Met Pro Lys Met His Leu	
125 130 135 140	
CTC TTT CCT CTA ACT CTG GTG AGG TCA TTC TGG AGT GAC ATG ATG GAC	484
Leu Phe Pro Leu Thr Leu Val Arg Ser Phe Trp Ser Asp Met Met Asp	
145 150 155	
TCC GCA CAG AGC TTC ATA ACC TCT TCA TGG ACT TTT TAT CTT CAA GCC	532
Ser Ala Gln Ser Phe Ile Thr Ser Ser Trp Thr Phe Tyr Leu Gln Ala	
160 165 170	
GAT GAC GGA AAA ATA GTT ATA TTC CAG TCT AAG CCA GAA ATC CAG TAC	580
Asp Asp Gly Lys Ile Val Ile Phe Gln Ser Lys Pro Glu Ile Gln Tyr	

175	180	185	
GCA CCA CAT TTG GAG CAG GAG CCT ACA AAT TTG AGA GAA TCA TCT CTA			628
Ala Pro His Leu Glu Gln Glu Pro Thr Asn Leu Arg Glu Ser Ser Leu			
190	195	200	
AGC AAA ATG TCC TAT CTG CAA ATG AGA AAT TCA CAA GCG CAC AGG AAT			676
Ser Lys Met Ser Tyr Leu Gln Met Arg Asn Ser Gln Ala His Arg Asn			
205	210	215	220
TTT CTT GAA GAT GGA GAA AGT GAT GGC TTT TTA AGA TGC CTC TCT CTT			724
Phe Leu Glu Asp Gly Glu Ser Asp Gly Phe Leu Arg Cys Leu Ser Leu			
225	230	235	
AAC TCT GGG TGG ATT TTA ACT ACA ACT CTT GTC CTC TCG GTG ATG GTA			772
Asn Ser Gly Trp Ile Leu Thr Thr Thr Leu Val Leu Ser Val Met Val			
240	245	250	
TTG CTT TGG ATT TGT TGT GCA ACT GTT GCT ACA GCT GTG GAG CAG TAT			820
Leu Leu Trp Ile Cys Cys Ala Thr Val Ala Thr Ala Val Glu Gln Tyr			
255	260	265	
GTT CCC TCT GAG AAG CTG AGT ATC TAT GGT GAC TTG GAG TTT ATG AAT			868
Val Pro Ser Glu Lys Leu Ser Ile Tyr Gly Asp Leu Glu Phe Met Asn			
270	275	280	
GAA CAA AAG CTA AAC AGA TAT CCA GCT TCT TCT CTT GTG GTT GTT AGA			916
Glu Gln Lys Leu Asn Arg Tyr Pro Ala Ser Ser Leu Val Val Val Arg			
285	290	295	300
TCT AAA ACT GAA GAT CAT GAA GAA GCA GGG CCT CTA CCT ACA AAA GTG			964
Ser Lys Thr Glu Asp His Glu Glu Ala Gly Pro Leu Pro Thr Lys Val			
305	310	315	
AAT CTT GCT CAT TCT GAA ATT TAAGCATTTT TCTTTTAAAA GACAA			1010
Asn Leu Ala His Ser Glu Ile			
320			
GTGTAATAGA CATCTAAAAT TCCACTCCTC ATAGAGCTTT TAAAATGGTT TCATTGGATA			1070

TAGGCCTTAA GAAATCACTA TAAAATGCAA ATAAAGTTAC TCAAATCTGT G 1121
【0084】

配列番号：25

配列の長さ：827

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10508

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：34...729

特徴を決定した方法：E

配列

AACAGCGGCC CTGCGGCTGG CGCGGCGGAC GGG ATG AGG CGC TGC AGT CTC TGC	54
Met Arg Arg Cys Ser Leu Cys	
1 5	
GCT TTC GAC GCC GCC CGG GGG CCC AGG CGG CTG ATG CGT GTG GGC CTC	102
Ala Phe Asp Ala Ala Arg Gly Pro Arg Arg Leu Met Arg Val Gly Leu	
10 15 20	
GCG CTG ATC TTG GTG GGC CAC GTG AAC CTG CTG CTG GGG GCC GTG CTG	150
Ala Leu Ile Leu Val Gly His Val Asn Leu Leu Leu Gly Ala Val Leu	
25 30 35	
CAT GGC ACC GTC CTG CGG CAC GTG GCC AAT CCC CGC GGC GCT GTC ACG	198
His Gly Thr Val Leu Arg His Val Ala Asn Pro Arg Gly Ala Val Thr	
40 45 50 55	

CCG GAG TAC ACC GTA GCC AAT GTC ATC TCT GTC GGC TCG GGG CTG CTG	246
Pro Glu Tyr Thr Val Ala Asn Val Ile Ser Val Gly Ser Gly Leu Leu	
60 65 70	
AGC GTT TCC GTG GGA CTT GTG GCC CTC CTG GCG TCC AGG AAC CTT CTT	294
Ser Val Ser Val Gly Leu Val Ala Leu Leu Ala Ser Arg Asn Leu Leu	
75 80 85	
CGC CCT CCA CTG CAC TGG GTC CTG CTG GCA CTA GCT CTG GTG AAC CTG	342
Arg Pro Pro Leu His Trp Val Leu Leu Ala Leu Ala Leu Val Asn Leu	
90 95 100	
CTC TTG TCC GTT GCC TGC TCC CTG GGC CTC CTT CTT GCT GTG TCA CTC	390
Leu Leu Ser Val Ala Cys Ser Leu Gly Leu Leu Leu Ala Val Ser Leu	
105 110 115	
ACT GTG GCC AAC GGT GGC CGC CGC CTT ATT GCT GAC TGC CAC CCA GGA	438
Thr Val Ala Asn Gly Gly Arg Arg Leu Ile Ala Asp Cys His Pro Gly	
120 125 130 135	
CTG CTG GAT CCT CTG GTA CCA CTG GAT GAG GGG CCG GGA CAT ACT GAC	486
Leu Leu Asp Pro Leu Val Pro Leu Asp Glu Gly Pro Gly His Thr Asp	
140 145 150	
TGC CCC TTT GAC CCC ACA AGA ATC TAT GAT ACA GCC TTG GCT CTC TGG	534
Cys Pro Phe Asp Pro Thr Arg Ile Tyr Asp Thr Ala Leu Ala Leu Trp	
155 160 165	
ATC CCT TCT TTG CTC ATG TCT GCA GGG GAG GCT GCT CTA TCT GGT TAC	582
Ile Pro Ser Leu Leu Met Ser Ala Gly Glu Ala Ala Leu Ser Gly Tyr	
170 175 180	
TGC TGT GTG GCT GCA CTC ACT CTA CGT GGA GTT GGG CCC TGC AGG AAG	630
Cys Cys Val Ala Ala Leu Thr Leu Arg Gly Val Gly Pro Cys Arg Lys	
185 190 195	
GAC GGA CTT CAG GGG CAG GTA GTA GCT GGG TGT GAC GCA AGA GTG AAA	678
Asp Gly Leu Gln Gly Gln Val Val Ala Gly Cys Asp Ala Arg Val Lys	

200	205	210	215	
CAG AAA GCC TGG CAG CCA CGG TTT CCT GGG ATT AAA GTC AAA GCA TTA				726
Gln Lys Ala Trp Gln Pro Arg Phe Pro Gly Ile Lys Val Lys Ala Leu				
	220	225	230	
TGAA TATGGCACTA AAGTGACTGA GCTACCAGAC CAATGATCCT GTAAGGCAGC				780
CACAGAACTA AAAAAACAACA ATTATTATTA AACTGCTCTG GATTCTC				827

【0085】

配列番号：26

配列の長さ：1189

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10524

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：309...602

特徴を決定した方法：E

配列

GTGCCTCCC GGTCCCGGCC CGGCTACTGC GCTGCGCCCA CTCCGCTCTG GAGCCTGGGC	60
GCGGGTCCTG ACCTTCCCGG CCCTCTCCTG ACACCTGGTG GATGGCGTCA CCAGAACTCC	120
TAGCTGTGGA ACCCTAGGGT ACCTGTTACC GCGCTTTGGC GAAACTGGGT TCGCTGCTGA	180
TTTGCGAACC TTTGCCTGAC TTTCTCAGGC CTTGAGAGAT CTAAGTAAAT TTGGTGGCCC	240
ATTGAAAGGA CCTGGAGAGA GCGTATGAAG ATCTGCCTCT TCTCCAAGAA ACTCAACCAC	300
TAGTGACA ATG ACC AGC CTC CTG ACT ACT CCT TCT CCA AGA GAA GAA CTG	350

Met Thr Ser Leu Leu Thr Thr Pro Ser Pro Arg Glu Glu Leu

1	5	10	
ATG ACC ACC CCA ATT TTA CAG CCC ACT GAG GCC CTG TCC CCA GAA GAT			398
Met Thr Thr Pro Ile Leu Gln Pro Thr Glu Ala Leu Ser Pro Glu Asp			
15	20	25	30
GGA GCC AGC ACA GCA CTC ATT GCA GTT GTT ATC ACC GTT GTC TTC CTC			446
Gly Ala Ser Thr Ala Leu Ile Ala Val Val Ile Thr Val Val Phe Leu			
35	40	45	
ACC CTG CTC TCG GTC GTG ATC TTG ATC TTC TTT TAC CTG TAC AAG AAC			494
Thr Leu Leu Ser Val Val Ile Leu Ile Phe Phe Tyr Leu Tyr Lys Asn			
50	55	60	
AAA GGC AGC TAC GTC ACC TAT GAA CCT ACA GAA GGT GAG CCC AGT GCC			542
Lys Gly Ser Tyr Val Thr Tyr Glu Pro Thr Glu Gly Glu Pro Ser Ala			
65	70	75	
ATC GTC CAG ATG GAG AGT GAC TTG GCC AAG GGC AGC GAG AAA GAG GAA			590
Ile Val Gln Met Glu Ser Asp Leu Ala Lys Gly Ser Glu Lys Glu Glu			
80	85	90	
TAT TTC ATC TAATGACTCC CAGGCCCCAA GGAGCTTATT CCTGGCTCCA T			640
Tyr Phe Ile			
95			
CGCTAACACG TTGACTGCTT ATTATGGGAA AGTTTTCTCT GAAGCCAGGG AGAAGCATTG			700
ATTGATGTGG GCAAATCCAA GCTCCAGCCA GGTCGCAGTC CCAAATGCCG ACATCACTGA			760
CTCCAGGGAC CAGGGACATG GAGAAAGCTG TTTATGATAT CTTTAACCAG GCCCTCTTAC			820
TAGAGCTGGT GTTTGTGACT GGCCAACAAG ATGTGGCTAT GCCAGGGGAC ATCTGAGTAT			880
GTGCCCAGTC ATCTTTTTTC ACAGGTTGAA GGGAGAGAAA AGATTTTGAG TTAAGGTCAT			940
TGGCTGCTCT ACTCTGTCCC CTACCTGGTC ACCTAGTGAT AGCCCCAGTG GAGATACTGT			1000
CCATACAAGG TCTTCCCAGA GGCTGGATAC CACAGTAAAA GGCCAGGCCA GGAGGGGTAG			1060
GAGACTATGG AGATCTTACC TCCTGATAAA TGTGCTACAC CCCCTAATCT GAGCCCTTCC			1120
TTTCCGTGTT CCCCAACAAC CTCATGCTTA CGTGATTTTT ATTCAAATTA AAAATTTTCA			1180
TTGCTACAG			1189

【0086】

配列番号：27

配列の長さ：1500

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP10529

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：94..690

特徴を決定した方法：E

配列

CTGTGCCTGA GCCTGAGCCT GAGCCTGAGC CTGAGCCCGA GCCGGGAGCC GGTCGCGGGG	60
GCTCCGGGGCT GTGGGACCGC TGGGCCCCCA GCG ATG GCG ACC CTG TGG GGA GGC	114
Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly	
1 5	
CTT CTT CGG CTT GGC TCC TTG CTC AGC CTG TCG TGC CTG GCG CTT TCC	162
Leu Leu Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser	
10 15 20	
GTG CTG CTG CTG GCG CAG CTG TCA GAC GCC GCC AAG AAT TTC GAG GAT	210
Val Leu Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp	
25 30 35	
GTC AGA TGT AAA TGT ATC TGC CCT CCC TAT AAA GAA AAT TCT GGG CAT	258
Val Arg Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His	

40	45	50	55	
ATT TAT AAT AAG AAC ATA TCT CAG AAA GAT TGT GAT TGC CTT CAT GTT				306
Ile Tyr Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys Asp Cys Asp Cys Leu His Val				
	60	65	70	
GTG GAG CCC ATG CCT GTG CGG GGG CCT GAT GTA GAA GCA TAC TGT CTA				354
Val Glu Pro Met Pro Val Arg Gly Pro Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu				
	75	80	85	
CGC TGT GAA TGC AAA TAT GAA GAA AGA AGC TCT GTC ACA ATC AAG GTT				402
Arg Cys Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg Ser Ser Val Thr Ile Lys Val				
	90	95	100	
ACC ATT ATA ATT TAT CTC TCC ATT TTG GGC CTT CTA CTT CTG TAC ATG				450
Thr Ile Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu Gly Leu Leu Leu Leu Tyr Met				
	105	110	115	
GTA TAT CTT ACT CTG GTT GAG CCC ATA CTG AAG AGG CGC CTC TTT GGA				498
Val Tyr Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly				
	120	125	130	135
CAT GCA CAG TTG ATA CAG AGT GAT GAT GAT ATT GGG GAT CAC CAG CCT				546
His Ala Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp Asp Ile Gly Asp His Gln Pro				
	140	145	150	
TTT GCA AAT GCA CAC GAT GTG CTA GCC CGC TCC CGC AGT CGA GCC AAC				594
Phe Ala Asn Ala His Asp Val Leu Ala Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn				
	155	160	165	
GTG CTG AAC AAG GTA GAA TAT GCA CAG CAG CGC TGG AAG CTT CAA GTC				642
Val Leu Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val				
	170	175	180	
CAA GAG CAG CGA AAG TCT GTC TTT GAC CGG CAT GTT GTC CTC AGC				687
Gln Glu Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp Arg His Val Val Leu Ser				
	185	190	195	
TAATTGGGAA TTGAATTCAA GGTGACTAGA AAGAAACAGG CAGACAACCTG GAA				740

AGAACTGACT GGGTTTTGCT GGGTTTCATT TTAATACCTT GTTGATTTC CCAACTGTTG	800
CTGGAAGATT CAAAACCTGGA AGCAAAAACT TGCTTGATTT TTTTTCTTG TTAACGTAAT	860
AATAGAGACA TTTTAAAAAG CACACAGCTC AAAGTCAGCC AATAAGTCTT TTCCTATTTG	920
TGACTTTTAC TAATAAAAAAT AAATCTGCCT GTAAATTATC TTGAAGTCCT TTACCTGGAA	980
CAAGCACTCT CTTTTTCACC ACATAGTTTT AACTTGACTT TCAAGATAAT TTCAGGGTT	1040
TTTGTTGTTG TTGTTTTTTG TTTGTTTGTT TTGGTGGGAG AGGGGAGGGA TGCCTGGGAA	1100
GTGGTTAACA ACTTTTTTCA AGTCACTTTA CTAAACAAAC TTTTGTAAT AGACCTTACC	1160
TTCTATTTTC GAGTTTCATT TATATTTTGC AGGTAGCCA GCCTCATCAA AGAGCTGACT	1220
TACTCATTTG ACTTTTGCAC TGACTGTATT ATCTGGGTAT CTGCTGTGTC TGCACCTCAT	1280
GGTAAACGGG ATCTAAAAATG CCTGGTGGCT TTTCACAAAA AGCAGATTTT CTTTCATGTAC	1340
TGTGATGTCT GATGCAATGC ATCCTAGAAC AAAGTGGCCA TTTGCTAGTT TACTCTAAAG	1400
ACTAAACATA GTCTTGGTGT GTGTGGTCTT ACTCATCTTC TAGTACCTTT AAGGACAAAT	1460
CCTAAGGACT TGGACACTTG CAATAAAGAA ATTTTATTTT	1500

【0087】

配列番号：28

配列の長さ：806

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP10537

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：95..517

特徴を決定した方法：E

配列

GTTCGTCTAG ATTTGTGGC TTGCGGGGAG ACTTCAGGAG TCGCTGTCTC TGAACCTCCA	60
GCCTCAGAGA CCGCCGCCCT TGTCCCGGAG GGCC ATG GGC CGG GTC TCA GGG CTT	115
Met Gly Arg Val Ser Gly Leu	
1 5	
GTG CCC TCT CGC TTC CTG ACG CTC CTG GCG CAT CTG GTG GTC GTC ATC	163
Val Pro Ser Arg Phe Leu Thr Leu Leu Ala His Leu Val Val Val Ile	
10 15 20	
ACC TTA TTC TGG TCC CGG GAC AGC AAC ATA CAG GCC TGC CTG CCT CTC	211
Thr Leu Phe Trp Ser Arg Asp Ser Asn Ile Gln Ala Cys Leu Pro Leu	
25 30 35	
ACG TTC ACC CCC GAG GAG TAT GAC AAG CAG GAC ATT CAG CTG GTG GCC	259
Thr Phe Thr Pro Glu Glu Tyr Asp Lys Gln Asp Ile Gln Leu Val Ala	
40 45 50 55	
GCG CTC TCT GTC ACC CTG GGC CTC TTT GCA GTG GAG CTG GCC GGT TTC	307
Ala Leu Ser Val Thr Leu Gly Leu Phe Ala Val Glu Leu Ala Gly Phe	
60 65 70	
CTC TCA GGA GTC TCC ATG TTC AAC AGC ACC CAG AGC CTC ATC TCC ATT	355
Leu Ser Gly Val Ser Met Phe Asn Ser Thr Gln Ser Leu Ile Ser Ile	
75 80 85	
GGG GCT CAC TGT AGT GCA TCC GTG GCC CTG TCC TTC TTC ATA TTC GAG	403
Gly Ala His Cys Ser Ala Ser Val Ala Leu Ser Phe Phe Ile Phe Glu	
90 95 100	
CGT TGG GAG TGC ACT ACG TAT TGG TAC ATT TTT GTC TTC TGC AGT GCC	451
Arg Trp Glu Cys Thr Thr Tyr Trp Tyr Ile Phe Val Phe Cys Ser Ala	
105 110 115	
CTT CCA GCT GTC ACT GAA ATG GCT TTA TTC GTC ACC GTC TTT GGG CTG	499
Leu Pro Ala Val Thr Glu Met Ala Leu Phe Val Thr Val Phe Gly Leu	
120 125 130 135	

AAA AAG AAA CCC TTC TGATTACCTT CATGACGGGA ACCTAAGGAC GAAGCC 550
Lys Lys Lys Pro Phe

140

TACAGGGGCA AGGGCCGCTT CGTATTCCTG GAAGAAGGAA GGCATAGGCT TCGGTTTTCC 610
CCTCGGAAAC TGCTTCTGCT GGAGGATATG TGTGGAATA ATTACGTCTT GAGTCTGGGA 670
TTATCCGCAT TGTATTTAGT GCTTTGTAAT AAAATATGTT TTGTAGTAAC ATTAAGACTT 730
ATATACAGTT TTAGGGGACA ATTGAGATGG CTGAACTACT GAATAAAAAA AAAACAACGC 790
TGTTTTCTAG TCCTGC 806

【0088】

配列番号：29

配列の長さ：1718

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10549

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：12...617

特徴を決定した方法：E

配列

TTGTCCTGAC C ATG AAT AGG ACC AAC GTC AAT GTC TTT TCT GAG CTT TCC 50
Met Asn Arg Thr Asn Val Asn Val Phe Ser Glu Leu Ser
1 5 10
GCT CCT CGT CGC AAT GAA GAC TTT GTC CTC CTG CTC ACC TAC GTC CTC 98
Ala Pro Arg Arg Asn Glu Asp Phe Val Leu Leu Leu Thr Tyr Val Leu

15	20	25	
TTC TTG ATG GCG CTG ACC TTC CTC ATG TCC TCC TTC ACC TTC TGT GGT			146
Phe Leu Met Ala Leu Thr Phe Leu Met Ser Ser Phe Thr Phe Cys Gly			
30	35	40	45
TCC TTC ACG GGC TGG AAG AGA CAT GGG GCC CAC ATC TAC CTC ACG ATG			194
Ser Phe Thr Gly Trp Lys Arg His Gly Ala His Ile Tyr Leu Thr Met			
50	55	60	
CTC CTC TCC ATT GCC ATC TGG GTG GCC TGG ATC ACC CTG CTC ATG CTT			242
Leu Leu Ser Ile Ala Ile Trp Val Ala Trp Ile Thr Leu Leu Met Leu			
65	70	75	
CCT GAC TTT GAC CGC AGG TGG GAT GAC ACC ATC CTC AGC TCC GCC TTG			290
Pro Asp Phe Asp Arg Arg Trp Asp Asp Thr Ile Leu Ser Ser Ala Leu			
80	85	90	
GCT GCC AAT GGC TGG GTG TTC CTG TTG GCT TAT GTT AGT CCC GAG TTT			338
Ala Ala Asn Gly Trp Val Phe Leu Leu Ala Tyr Val Ser Pro Glu Phe			
95	100	105	
TGG CTG CTC ACA AAG CAA CGA AAC CCC ATG GAT TAT CCT GTT GAG GAT			386
Trp Leu Leu Thr Lys Gln Arg Asn Pro Met Asp Tyr Pro Val Glu Asp			
110	115	120	125
GCT TTC TGT AAA CCT CAA CTC GTG AAG AAG AGC TAT GGT GTG GAG AAC			434
Ala Phe Cys Lys Pro Gln Leu Val Lys Lys Ser Tyr Gly Val Glu Asn			
130	135	140	
AGA GCC TAC TCT CAA GAG GAA ATC ACT CAA GGT TTT GAA GAG ACA GGG			482
Arg Ala Tyr Ser Gln Glu Glu Ile Thr Gln Gly Phe Glu Glu Thr Gly			
145	150	155	
GAC ACG CTC TAT GCC CCC TAT TCC ACA CAT TTT CAG CTG CAG AAC CAG			530
Asp Thr Leu Tyr Ala Pro Tyr Ser Thr His Phe Gln Leu Gln Asn Gln			
160	165	170	
CCT CCC CAA AAG GAA TTC TCC ATC CCA CGG GCC CAC GCT TGG CCG AGC			578

Pro Pro Gln Lys Glu Phe Ser Ile Pro Arg Ala His Ala Trp Pro Ser	
175	180
185	
CCT TAC AAA GAC TAT GAA GTA AAG AAA GAG GGC AGC TAACTCTGTC CTGAAG	630
Pro Tyr Lys Asp Tyr Glu Val Lys Lys Glu Gly Ser	
190	195
200	
AGTGGGACAA ATGCAGCCGG GCGGCAGATC TAGCGGGAGC TCAAAGGGAT GTGGGCGAAA	690
TCTTGAGTCT TCTGAGAAAA CTGTACAAGA CACTACGGGA ACAGTTTGCC TCCCTCCCAG	750
CCTCAACCAC AATTCTTCCA TGCTGGGGCT GATGTGGGCT AGTAAGACTC CAGTTCTTAG	810
AGGCGCTGTA GTATTTTTTT TTTTTTTGTC TCATCCTTAG GATACTTCTT TTAAGTGGGA	870
GTCTCAGGCA ACTCAAGTTT AGACCCTTAC TCTTTTTGTT TGTTTTTTGA AACAGGATCT	930
TGCTCTGTCA CCCAGGCTTG AGTGCAGTGG TGCGATCACA GCCCAGTGCA GCCTCGACCA	990
CCTGTGCTCA AGCAATCCTC CCATCTCCAT CTCCCAAAGT GCTGGGATGA CAGGCGTGAG	1050
CCACAGCTCC CAGCCTAGGC CCTTAATCTT GCTGTTATTT TCCATGGACT AAAGGTCTGG	1110
TCATCTGAGC TCACGCTGGC TCACACAGCT CTAGGGGCCT GCTCCTCTAA CTCACAGTGG	1170
GTTTTGTGAG GCTCTGTGGC CCAGAGCAGA CCTGCATATC TGAGCAAAAA TAGCAAAAGC	1230
CTCTCTCAGC CCACTGGCCT GAATCTACAC TGGAAGCCAA CTTGCTGGCA CCCCCGCTCC	1290
CCAACCCTTC TTGCCTGGGT AGGAGAGGCT AAAGATCACC CTAAATTTAC TCATCTCTCT	1350
AGTGCTGCCT CACACTGGGC CTCAGCAGCT CCCCAGCACC AATTCACAGG TCACCCCTCT	1410
CTTCTTGAC TGTCCCCAAA CTTGCTGTCA ATTCCGAGAT CTAATCTCCC CCTACGCTCT	1470
GCCAGGAATT CTTTCAGACC TCACTAGCAC AAGCCCGGTT GTCCTTGTC AGGAGAATTT	1530
GTACATGATT CTCACTTCAA ATTCCTGGGG CTGATACTTC TCTCATCTTG CACCCCAACC	1590
TCTGTAAATA GATTACCGC ATTTACGGCT GCATTCTGTA AGTGGGCATG GTCTCCTAAT	1650
GGAGGAGTGT TCATTGTATA ATAAGTTATT CACCTGAGTA TGCAATAAAG ATGTGGTGGC	1710
CACTCTTT	1718

【0089】

配列番号：30

配列の長さ：995

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10551

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：153..902

特徴を決定した方法：E

配列

AGAGCTGGCT GCGCCGAGCC CCCTGCGCGC TGCACATGGG GCGCCTGACG GAAGCGGCGG	60
CAGCGGGCAG CGGCTCTCGG GCTGCAGGCT GGGCAGGGTC CCCTCCCACG CTCCTGCCGC	120
TGTCTCCCAC GTCCCCCAGG TGCGCGGCCA CC ATG GCG TCC AGC GAC GAG GAC	173
Met Ala Ser Ser Asp Glu Asp	
1 5	
GGC ACC AAC GGC GGC GCC TCG GAG GCC GGC GAG GAC CGG GAG GCT CCC	221
Gly Thr Asn Gly Gly Ala Ser Glu Ala Gly Glu Asp Arg Glu Ala Pro	
10 15 20	
GGC AAG CGG AGG CGC CTG GGG TTC TTG GCC ACC GCC TGG CTC ACC TTC	269
Gly Lys Arg Arg Arg Leu Gly Phe Leu Ala Thr Ala Trp Leu Thr Phe	
25 30 35	
TAC GAC ATC GCC ATG ACC GCG GGG TGG TTG GTT CTA GCT ATT GCC ATG	317
Tyr Asp Ile Ala Met Thr Ala Gly Trp Leu Val Leu Ala Ile Ala Met	
40 45 50 55	
GTA CGT TTT TAT ATG GAA AAA GGA ACA CAC AGA GGT TTA TAT AAA AGT	365
Val Arg Phe Tyr Met Glu Lys Gly Thr His Arg Gly Leu Tyr Lys Ser	
60 65 70	
ATT CAG AAG ACA CTT AAA TTT TTC CAG ACA TTT GCC TTG CTT GAG ATA	413

Ile	Gln	Lys	Thr	Leu	Lys	Phe	Phe	Gln	Thr	Phe	Ala	Leu	Leu	Glu	Ile	
			75					80					85			
GTT	CAC	TGT	TTA	ATT	GGA	ATT	GTA	CCT	ACT	TCT	GTG	ATT	GTG	ACT	GGG	461
Val	His	Cys	Leu	Ile	Gly	Ile	Val	Pro	Thr	Ser	Val	Ile	Val	Thr	Gly	
			90					95					100			
GTC	CAA	GTG	AGT	TCA	AGA	ATC	TTT	ATG	GTG	TGG	CTC	ATT	ACT	CAC	AGT	509
Val	Gln	Val	Ser	Ser	Arg	Ile	Phe	Met	Val	Trp	Leu	Ile	Thr	His	Ser	
			105					110					115			
ATA	AAA	CCA	ATC	CAG	AAT	GAA	GAG	AGT	GTG	GTG	CTT	TTT	CTG	GTC	GCG	557
Ile	Lys	Pro	Ile	Gln	Asn	Glu	Glu	Ser	Val	Val	Leu	Phe	Leu	Val	Ala	
			120					125					130		135	
TGG	ACT	GTG	ACA	GAG	ATC	ACT	CGC	TAT	TCC	TTC	TAC	ACA	TTC	AGC	CTT	605
Trp	Thr	Val	Thr	Glu	Ile	Thr	Arg	Tyr	Ser	Phe	Tyr	Thr	Phe	Ser	Leu	
			140					145					150			
CTT	GAC	CAC	TTG	CCA	TAC	TTC	ATT	AAA	TGG	GCC	AGA	TAT	AAT	TTT	TTT	653
Leu	Asp	His	Leu	Pro	Tyr	Phe	Ile	Lys	Trp	Ala	Arg	Tyr	Asn	Phe	Phe	
			155					160					165			
ATC	ATC	TTA	TAT	CCT	GTT	GGA	GTT	GCT	GGT	GAA	CTT	CTT	ACA	ATA	TAC	701
Ile	Ile	Leu	Tyr	Pro	Val	Gly	Val	Ala	Gly	Glu	Leu	Leu	Thr	Ile	Tyr	
			170					175					180			
GCT	GCC	TTG	CCG	CAT	GTG	AAG	AAA	ACA	GGA	ATG	TTT	TCA	ATA	AGA	CTT	749
Ala	Ala	Leu	Pro	His	Val	Lys	Lys	Thr	Gly	Met	Phe	Ser	Ile	Arg	Leu	
			185					190					195			
CCT	AAC	AAA	TAC	AAT	GTG	TCT	TTT	GAC	TAC	TAT	TAT	TTT	CTT	CTT	ATA	797
Pro	Asn	Lys	Tyr	Asn	Val	Ser	Phe	Asp	Tyr	Tyr	Tyr	Phe	Leu	Leu	Ile	
			200					205					210		215	
ACC	ATG	GCA	TCA	TAT	ATA	CCT	TTG	TTT	CCA	CAA	CTC	TAT	TTT	CAT	ATG	845
Thr	Met	Ala	Ser	Tyr	Ile	Pro	Leu	Phe	Pro	Gln	Leu	Tyr	Phe	His	Met	
			220					225					230			

TTA CGT CAA AGA AGA AAG GTG CTT CAT GGA GAG GTG ATT GTA GAA AAG 893
 Leu Arg Gln Arg Arg Lys Val Leu His Gly Glu Val Ile Val Glu Lys
 235 240 245
 GAT GAT TAAATGATCT CTGCAAACAA GGTGCTTTTT CCAGAATAAC CAAGATTACC T 950
 Asp Asp

GAGTCCAAGT TTTAATAACA AGAATAAACA ACTTTGTGAA ATATC 995
 【0090】

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP00631がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP02403がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP02420がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP10349がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP10508がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP10524がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP10529がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図8】 クローンHP10537がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

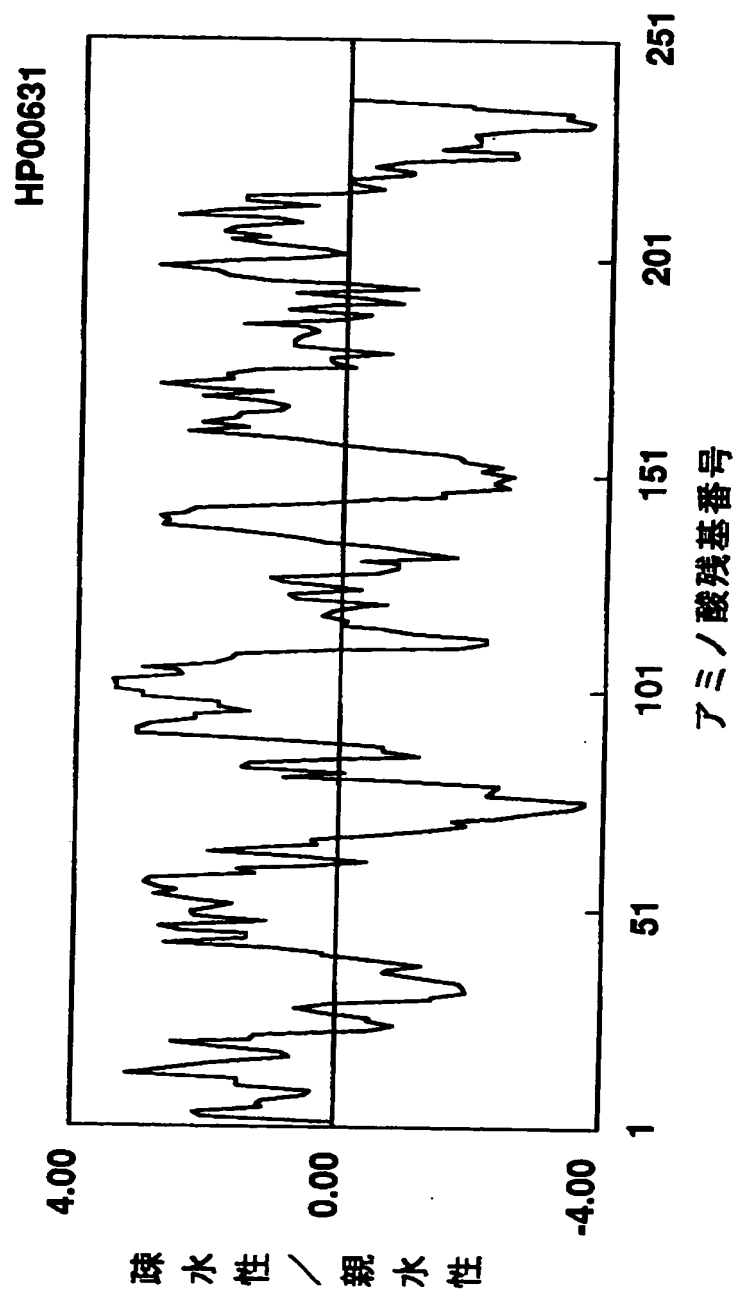
【図9】 クローンHP10549がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図10】 クローンHP10551がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

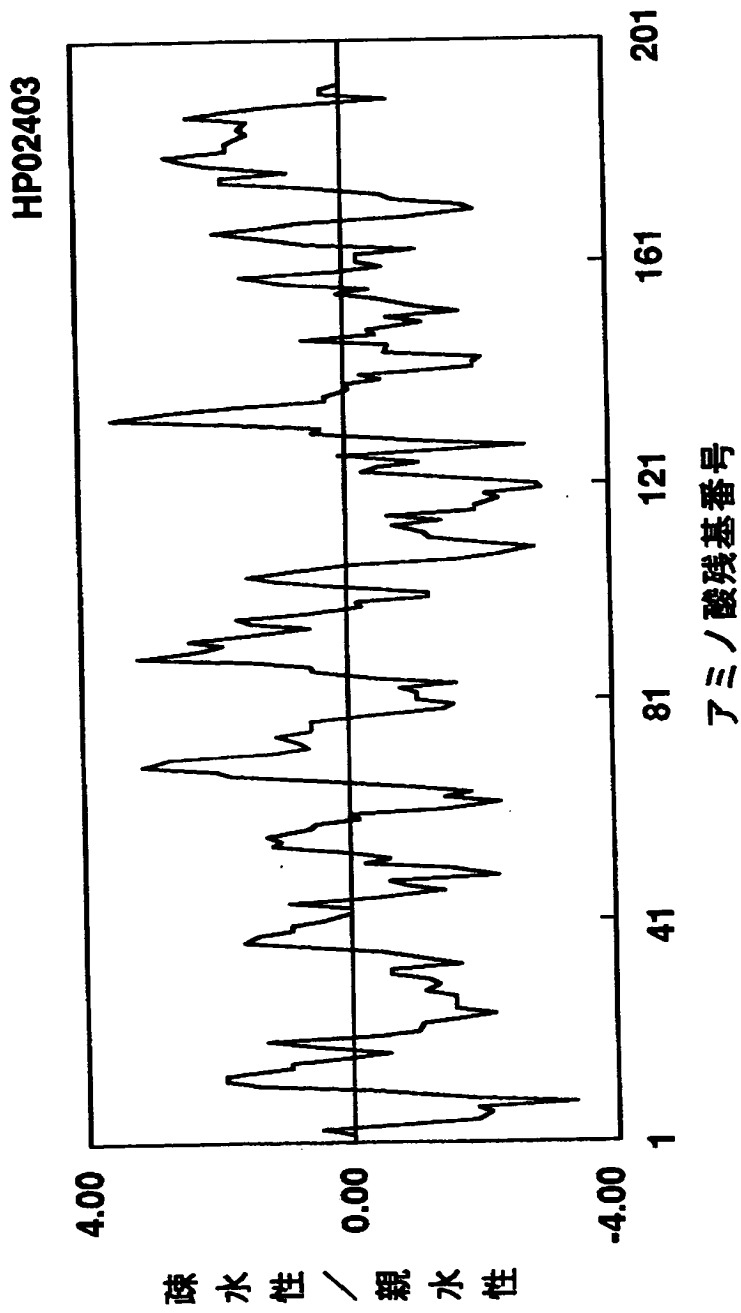
【書類名】

図面

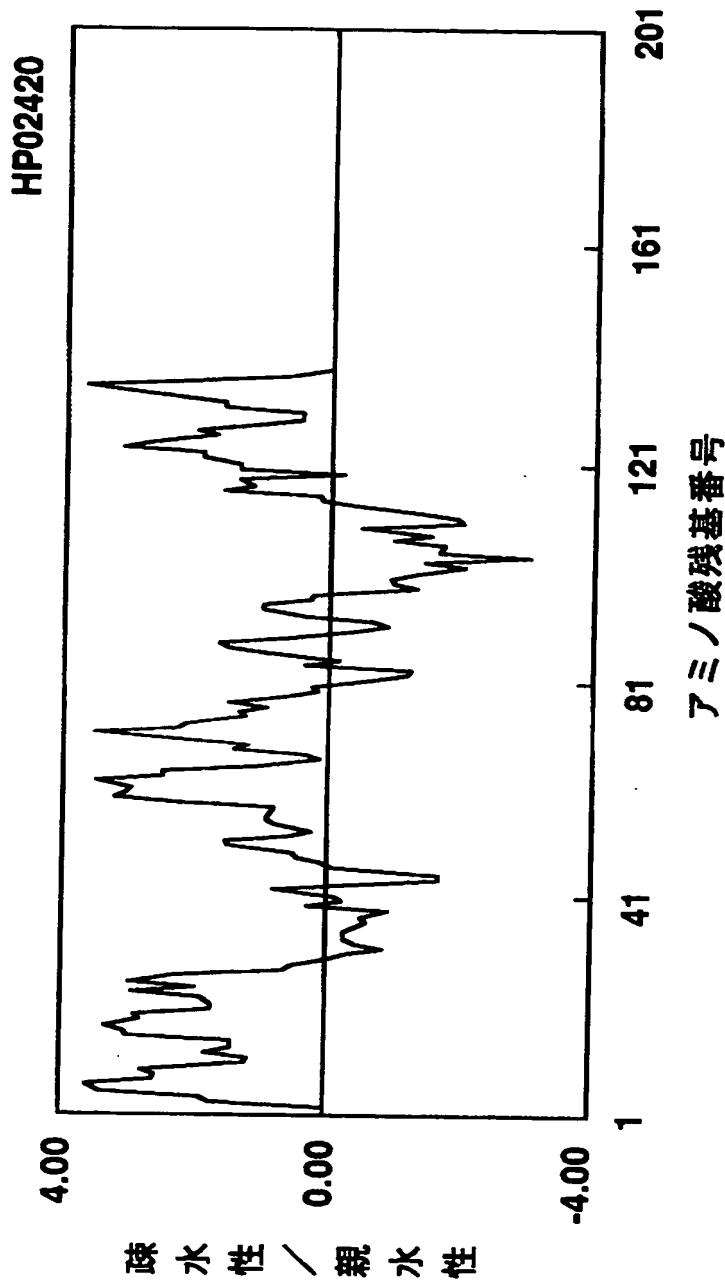
【図1】



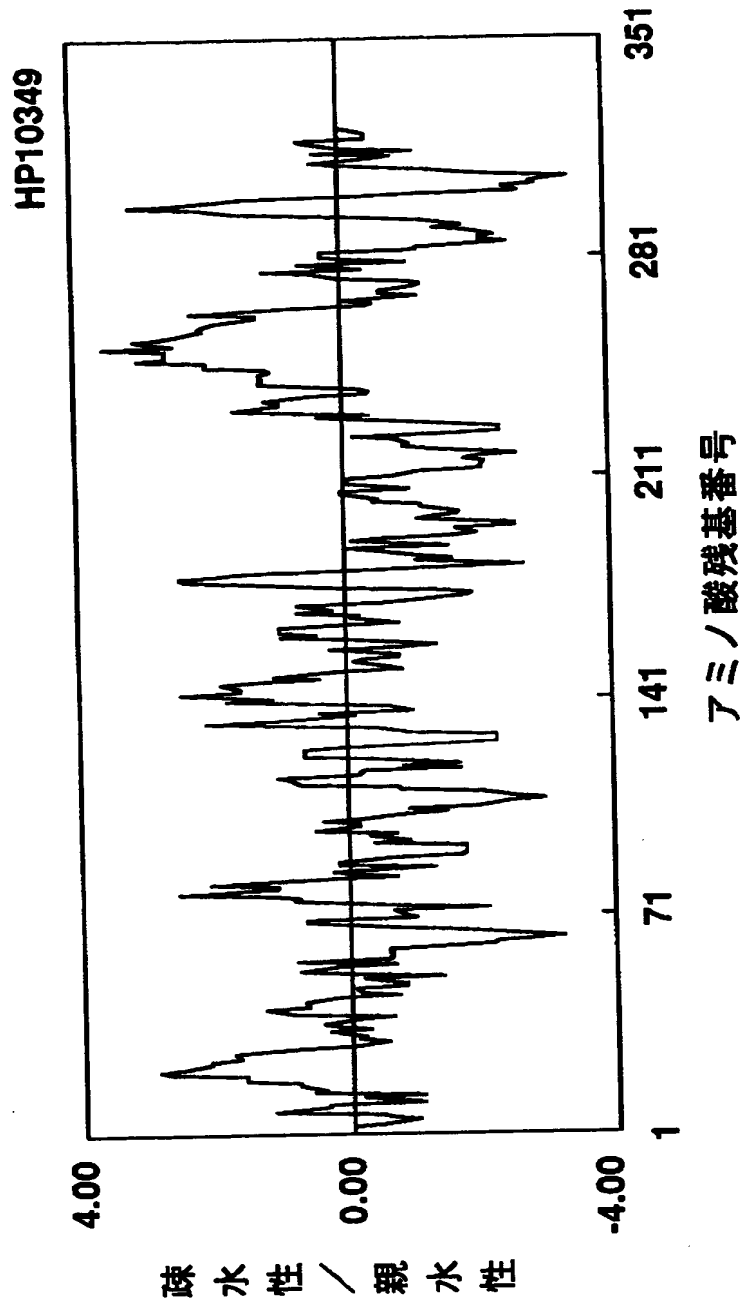
【図2】



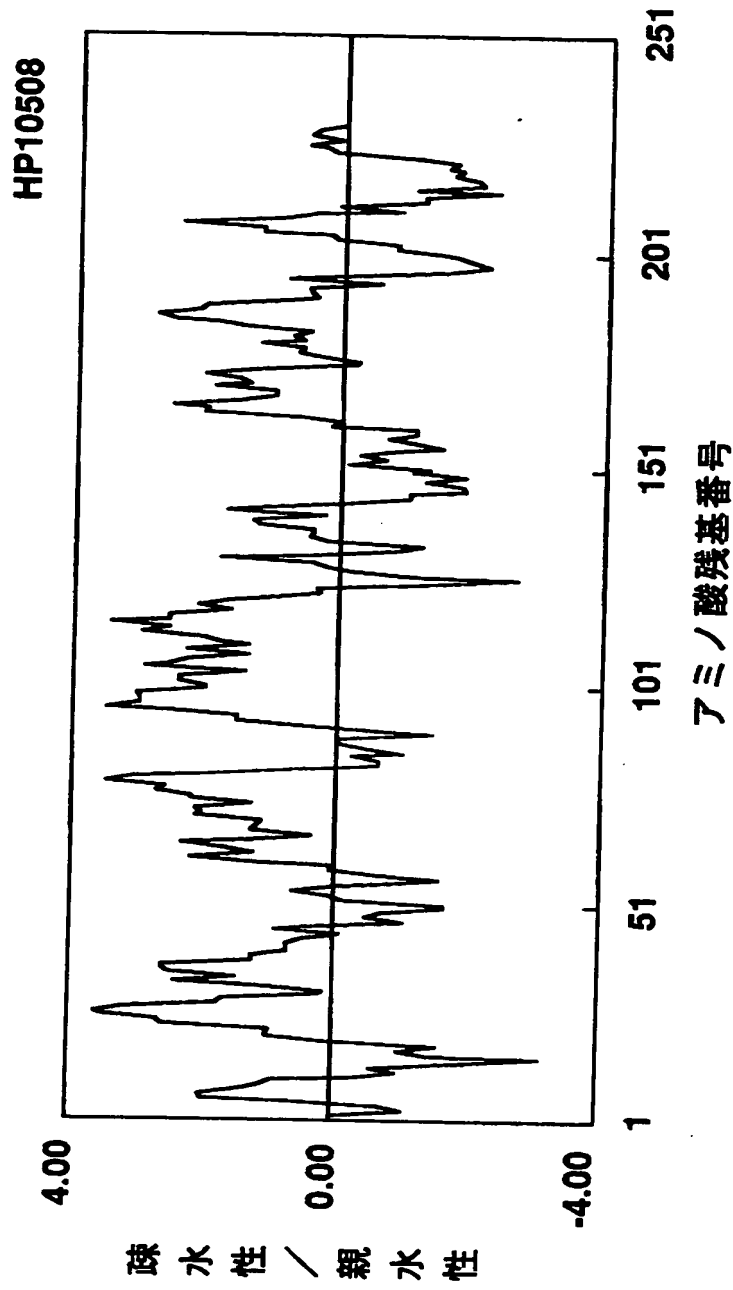
【図 3】



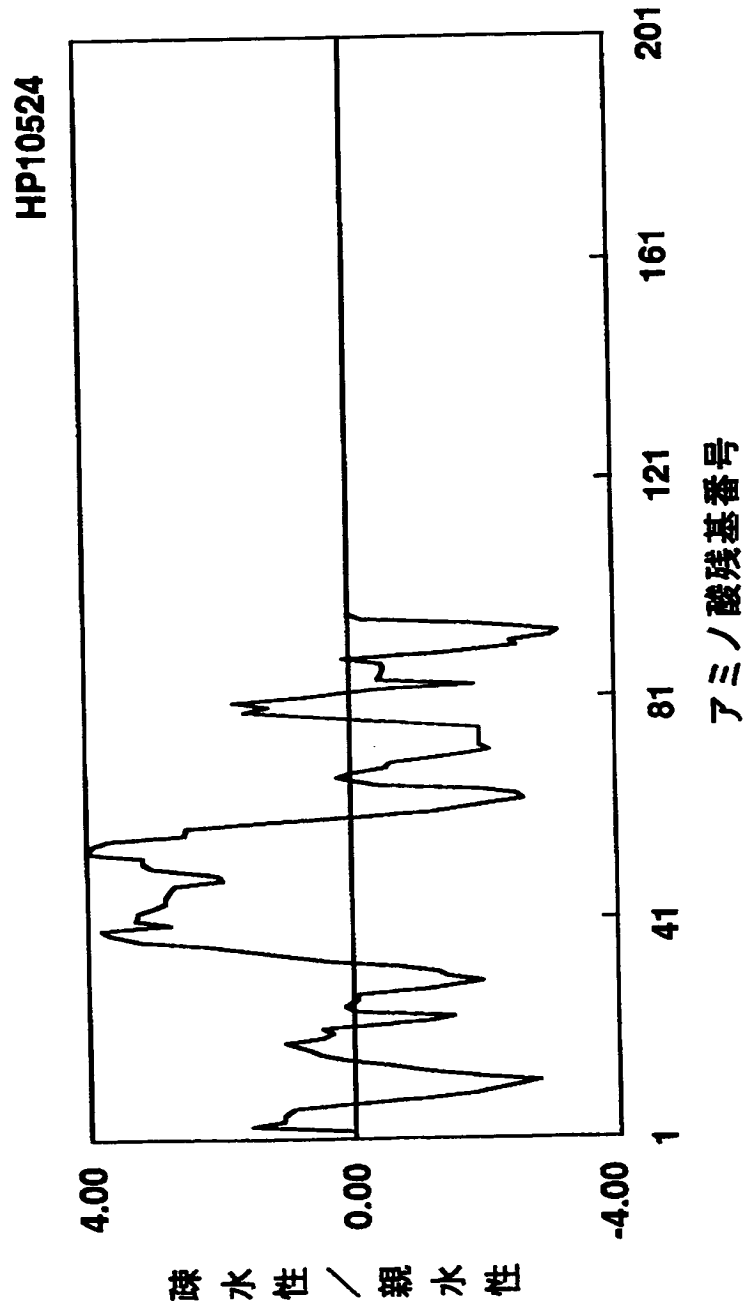
【図4】



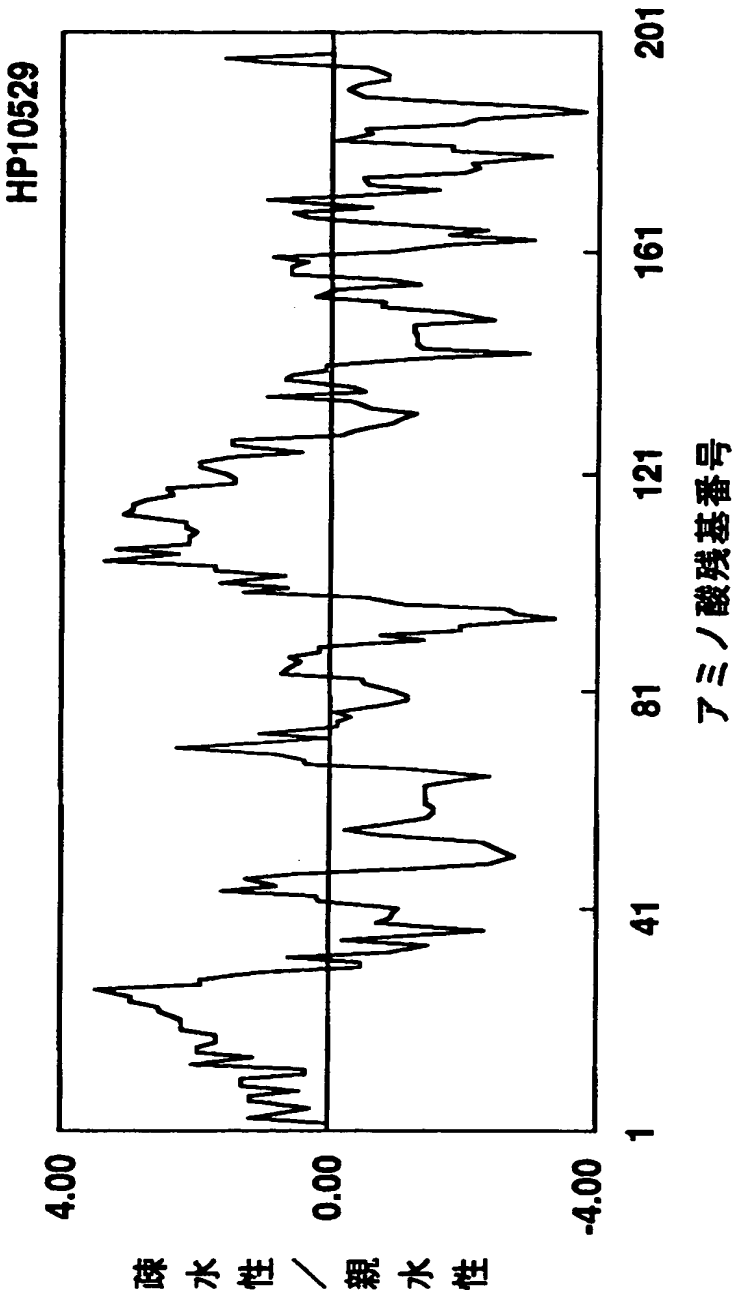
【図5】



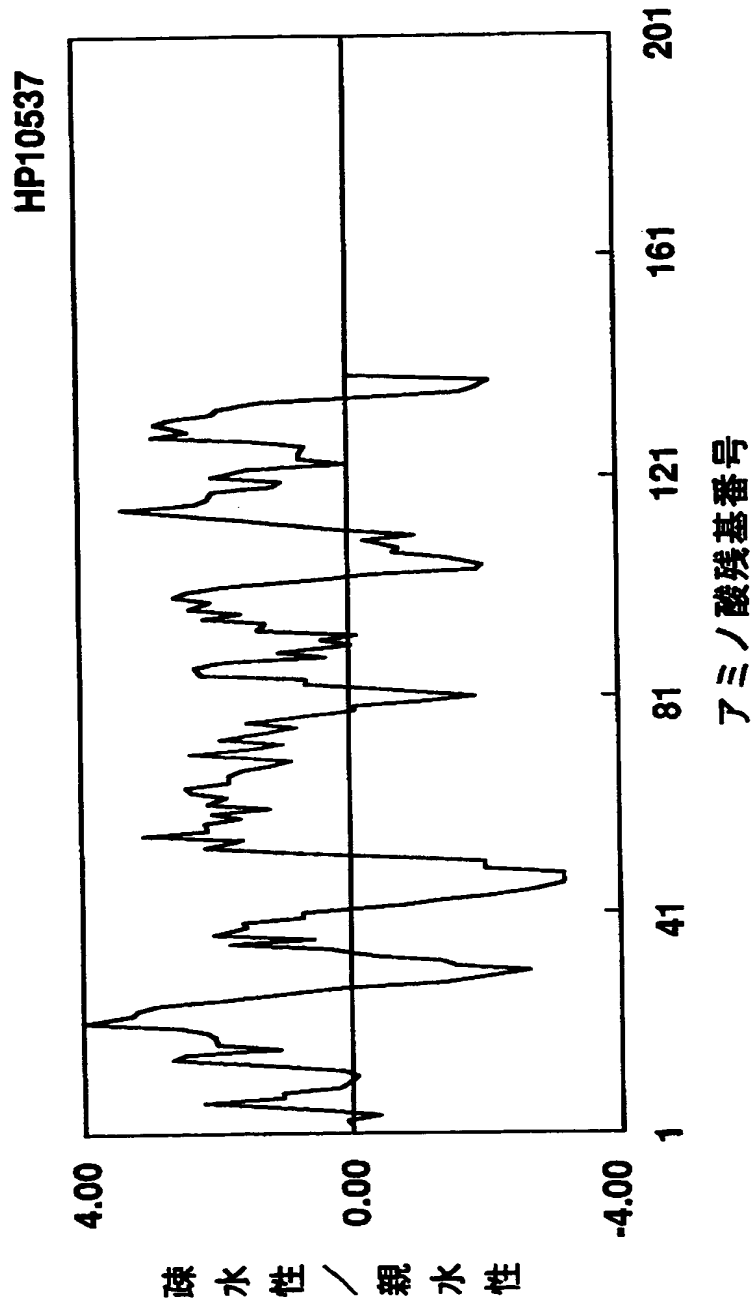
【図6】



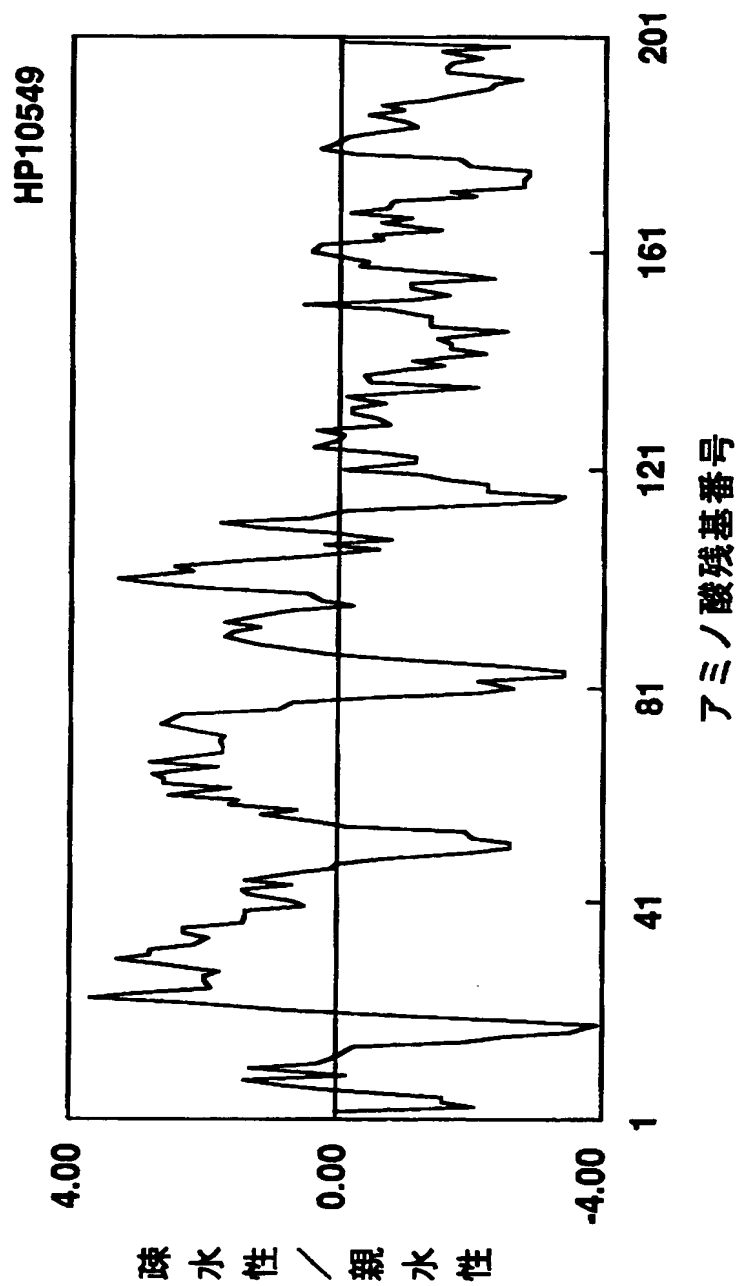
【図7】



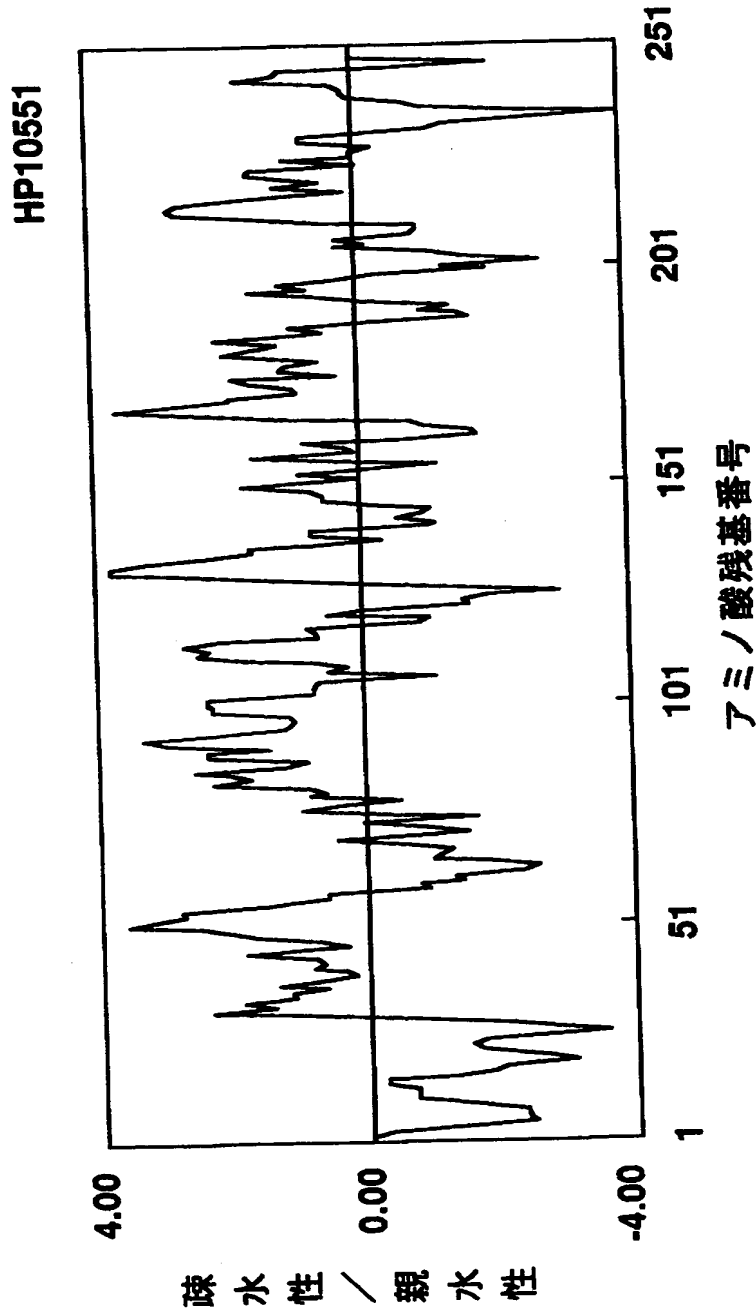
【図8】



【図9】



【図10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

【書類名】

職権訂正データ

【訂正書類】

特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】

申請人

【識別番号】

000173762

【住所又は居所】

神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

【氏名又は名称】

財団法人相模中央化学研究所

【特許出願人】

【識別番号】

596134998

【住所又は居所】

東京都目黒区中町2丁目20番3号

【氏名又は名称】

株式会社プロテジーン

【書類名】	職権訂正データ
【訂正書類】	手続補正書

<認定情報・付加情報>

【補正をする者】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【提出された物件の記事】	
【提出物件名】	代表者選定証 1

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[000173762]

1. 変更年月日

1995年 4月14日

[変更理由]

住所変更

住 所

神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

氏 名

財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日
[変更理由] 新規登録
住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号
氏 名 株式会社プロテジーン

